Происхождение славян



Анатолий Клесов

НАША РУСЬ

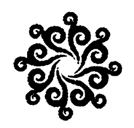
Анатолий Клесов

# Происхождение славян

ДНК-генеалогия против «норманнской теории»

НАША РУСЬ

Анатолий Клесов



# Происхождение славян

## ДНК-генеалогия против «норманнской теории»

Москва
алгоритм
2013

УДК 94(47)
ББК 63.3(2)
К 48

Оформление *Б. Протопопова*

**Клесов А. А.**

К 48 Происхождение славян. ДНК-генеалогия против «норманнской теории» / Анатолий Клесов. — М. : Алгоритм, 2013. — 512 с. — (Наша Русь).

ISBN 978-5-4438-0324-1

Книга профессора Гарвардского университета А. А. Клесова претендует на то, чтобы стать настоящим научным бестселлером.

Кто такие славяне и каково их происхождение? Откуда они пришли? На протяжении трех веков ученые не могли дать обоснованный ответ на эти вопросы. Автор, будучи высокопрофессиональным специалистом и талантливым исследователем, нашел его на стыке двух наук: истории и генетики.

Сам ученый утверждает, что его книга будет иметь «эффект разорвавшейся бомбы», и это действительно так: читателя ждут немалые потрясения. А.А. Клесов разрушает сложившееся в научной среде табу на объективное изучение истории древних славян и их происхождения от ариев — коренных жителей Русской равнины.

**УДК 94(47)**
**ББК 63.3(2)**

**ISBN 978-5-4438-0324-1**

# Глава 1

# ОТКУДА ПОЯВИЛИСЬ СЛАВЯНЕ И «ИНДОЕВРОПЕЙЦЫ» И ГДЕ ИХ ПРАРОДИНА?

Устраивайтесь поудобнее, уважаемый читатель. Вас ждут некоторые потрясения.

Не очень с руки начинать повествование тем, что автор ожидает от своего исследования эффекта разорвавшейся бомбы, но что делать, если так оно и будет? А собственно, отчего такая уверенность? В наше время уже ничем не удивить, не так ли? Да так-то оно так. Но когда вопросу уже не менее трехсот лет, и постепенно сформировалось убеждение, что вопрос не имеет решения, по крайней мере «доступными средствами», и вдруг решение находится — то это, согласитесь, не столь частое явление. А вопрос этот — «Происхождение славян». Или — «Происхождение исходной славянской общности». Или, если угодно, «Поиски индоевропейской прародины».

Вообще-то, за эти триста лет какие только предположения не высказывались. Наверное, все, какие только возможны.

Проблема в том, что никто не знал, какие из них верные. Вопрос был запутан донельзя. Поэтому автор не удивится, если в ответ на его выводы и заключения раздастся хор голосов: «Так это было известно», «об этом и раньше писали». Такова человеческая натура.

А спроси этот хор сейчас: ну, так где прародина славян? Где прародина «индоевропейцев»? Откуда они появились? Так хора уже не будет, а будет разноголосица: «Вопрос сложный и запутанный, ответа нет».

Но для начала — несколько определений, чтобы было понятно, о чем речь.



Анатолий Алексеевич Клёсов, доктор химических наук, профессор, лауреат премии Ленинского комсомола (1978) и Государственной премии СССР (1984)

### *Определения и пояснения. История вопроса*

Под славянами в контексте их происхождения я буду подразумевать праславян. И, как будет видно из последующего изложения, этот контекст неразрывно связан с «индоевропейцами».

Последнее — чудовищно неуклюжий термин. Слово «индоевропейцы» — просто издевательство над здравым смыс-

лом. На самом деле есть «индоевропейская группа языков», и история этого вопроса такова, что два столетия назад было обнаружено определенное сходство между санскритом и многими европейскими языками. Эту группу языков и назвали «индоевропейской», в нее входят почти все европейские языки, кроме баскского, угро-финских и тюркских языков. Тогда не знали причин, по каким Индия и Европа вдруг оказались в одной языковой связке, да и сейчас не очень-то знают. Об этом речь тоже пойдет ниже, и без праславян здесь не обошлось.

Но нелепости дали ход тогда, когда самих носителей «индоевропейских языков» стали называть «индоевропейцами». То есть латыш и литовец — индоевропейцы, а эстонец — нет. И венгр не индоевропеец. Русский, живущий в Финляндии и говорящий по-фински, — не индоевропеец, а когда он переходит на русский, сразу становится индоевропейцем.

Иначе говоря, языковую, лингвистическую категорию перенесли на этническую, даже, по сути, генеалогическую. Видимо, считали, что лучшего выбора нет. Тогда, возможно, не было. Сейчас — есть. Хотя, строго говоря, это термины лингвистические, и говоря одно, лингвисты подразумевают другое, а путаются третьи.

Не меньше оказывается путаницы, когда мы возвращаемся в древние времена. Кто такие «индоевропейцы»? Это те, которые в древности говорили на «индоевропейских» языках. А еще раньше кто они были? А были они — «протоиндоевропейцы». Этот термин еще более неудачный, и сродни тому, чтобы древних англосаксов называть «протоамериканцами». Эти «протоиндоевропейцы» Индию и в глаза не видели, и язык тот еще не образовался, еще только через тысячелетия преобразится и вольется в группу индоевропейских, а они уже «протоиндоевропейцы». Это как князя Владимира называть «протосоветским». Хотя «индо-» — это тоже термин лингвистический, и к Индии у филологов прямого отношения не имеет.

С другой стороны, понять и посочувствовать можно. Ну не было другого термина для «индоевропейцев». Не было названия для людей, которые в те далекие времена образовали культурную связь с Индией, и расширили эту культурную, и, во всяком случае, языковую связь на всю Европу.

Минуточку, как это не было? А арии?

А вот об этом чуть позже.

Еще о терминах. Почему-то о древних германцах или скандинавах говорить допустимо, а о древних славянах — нет. Сразу раздается — нет, нет, древних славян не было. Хотя всем должно быть понятно, что речь идет о праславянах, предках современных славян. У них, выходит, и предков не было? Что за двойной стандарт? Давайте договоримся — говоря о славянах, я имею в виду не современную «этнокультурную общность», а наших предков, живших тысячелетия назад. Должно же быть у них какое-то имя? Не неуклюжее «праиндоевропейцы». И не «индоиранцы», так? Пусть будут славяне, праславяне. И арии, но об этом опять позже.

Теперь — о каких славянах речь? Традиционно славян разделяют на три группы — восточные славяне, западные и южные. Восточные славяне — это русские, украинцы, белорусы. Западные славяне — поляки, чехи, словаки. Южные славяне — это сербы, хорваты, боснийцы, македонцы, болгары, словенцы. Этот список не исчерпывающий, можно вспомнить сорбов (лужицких славян) и других, но идея ясна. Собственно, это разделение во многом основано на лингвистических критериях, согласно которым славянская группа индоевропейских языков состоит из восточной, западной и южной подгрупп, примерно с тем же подразделением по странам.

В таком контексте славяне — это «этнокультурные сообщества», что включает и языки. В таком виде, как считается, они сформировались к VI—VII векам нашей эры. И славянские языки, по данным лингвистов, разошлись примерно 1300 лет назад, опять примерно в VII веке. Но генеалогически перечисленные славяне принадлежат совсем к различным родам, и история этих родов совершенно различная.

Поэтому западные и восточные славяне как «этнокультурные сообщества» — это несколько разные понятия. Одни в массе католики, другие — православные. Язык заметно различается, есть и другие «этнокультурные» отличия. А в рамках ДНК-генеалогии — это часто одно и то же, один род, одна и та же метка в Y-хромосоме, одна и та же история миграций, один и тот же общий предок. Одна и та же предковая гаплогруппа, наконец. И эти рода и образуют славян — и праславян, и современных славян. Вторые произошли от первых.

Вот мы и дошли до понятия «предковая гаплогруппа», или «гаплогруппа рода». Она определяется метками, или картиной мутаций в мужской половой хромосоме. У женщин они тоже есть, но в другой системе координат. Так вот, восточные славяне — это род R1a. Их среди жителей России, Украины, Белоруссии — от 45 до 70%. А в старинных русских и украинских городах, городках, селениях — до 80%.

Вывод — термин «славяне» зависит от контекста. В языкознании «славяне» — одно, в этнографии — другое, в ДНК-генеалогии — третье. Гаплогруппа, род образовался тогда, когда ни наций, ни церквей, ни современных языков не было. В этом отношении принадлежность к роду, к гаплогруппе — первична.

Поскольку принадлежность к гаплогруппе определяется совершенно конкретными мутациями в определенных нуклеотидах Y-хромосомы, то можно сказать, что каждый из нас носит определенную метку в ДНК. И эта метка в мужском потомстве неистребима, она может быть истреблена только вместе с самим потомством. К сожалению, таких случаев в прошлом было предостаточно. Но это вовсе не означает, что данная метка — показатель некой «породы» человека. Эта метка не связана с генами и не имеет к ним никакого отношения, а именно гены и только гены могут быть при желании связаны с «породой». Гаплогруппы и гаплотипы никак не определяют форму черепа или носа, цвет волос, физические или умственные характеристики человека. Но они навсегда привязывают носителя гаплотипа к определенному человеческому роду, в начале которого был патриарх рода, потомство которого выжило и живет в наши дни, в отличие от миллионов других оборвавшихся генеалогических линий.

Эта метка в наших ДНК оказывается бесценной для историков, лингвистов, антропологов, потому что эта метка не «ассимилируется», как ассимилируются носители языков, генов, носители разных культур, которые «растворяются» в популяции. Гаплотипы и гаплогруппы не «растворяются», не ассимилируются. Какую бы религию не поменяли потомки в ходе тысячелетий, какой бы язык ни приобрели, какие бы культурно-этнические характеристики ни изменили, точно та же гаплогруппа, такой же гаплотип (разве что с несколькими мутациями) упрямо появляются при соответствующем

тестировании определенных фрагментов Y-хромосомы. Неважно, мусульманин ли это, христианин, иудей, буддист, атеист или язычник.

Как будет показано в этом исследовании, члены рода R1a на Балканах, которые жили там 10—9 тысяч лет назад, через двести с лишним поколений вышли на Восточно-Европейскую равнину, она же Русская равнина, где примерно 5000 лет назад появился предок современных русских и украинцев рода R1a, включая и автора этой книги. Еще через тысячу лет, 4000 лет назад, они, праславяне, вышли на Южный Урал, еще через четыреста лет отправились в Индию, где сейчас живут примерно 100 миллионов их потомков, членов того же рода R1a. Рода ариев. Ариев, потому что они себя так назвали, и это зафиксировано в древних индийских ведах и иранских сказаниях. Территорию, на которой жили, они назвали Арьяварта, «страна ариев». Именно там, в Арьяварте, складывалась классическая культура Индии. Они же, арии — потомки праславян или их ближайших родственников. Никакой «ассимиляции» гаплогруппы R1a не было, и нет, да и гаплотипы почти те же, легко выявляются. Идентичны славянским. Еще одна волна ариев, с теми же гаплотипами, отправилась из Средней Азии в Восточный Иран, тоже в III тысячелетии до нашей эры, и они стали иранскими ариями.

Наконец, еще одна волна представителей рода R1a отправилась на юг и достигла Аравийского полуострова, Оманского залива, где сейчас находятся Катар, Кувейт, Объединенные Арабские Эмираты, и тамошние арабы, получив результаты тестирования ДНК, с изумлением смотрят на сертификат тестирования с гаплотипом и гаплогруппой R1a. Арийской, праславянской, «индоевропейской» — назовите как хотите, но суть та же. И эти сертификаты определяют границы ареала походов древних ариев. Приведенные ниже расчеты показывают, что время этих походов в Аравию — 4 тысячи лет назад. Гаплотипы — типичные арийские, с Русской равнины, те же, что и у индийских и иранских потомков ариев. Праславянские гаплотипы группы R1a.

В настоящее время гаплогруппа R1a среди арабов достигает 9% от мужского населения, в том числе в таких знаменитых кланах, как клан Курейш, из которого вышел пророк Магомет (он же Мухаммад), основатель ислама, и его клан

упоминается в Коране. Я получаю немало писем от родовитых арабов, которых своя гаплогруппа R1a поначалу шокировала, ее даже скрывали от окружающих, но постепенно она стала престижной. Напрашивается аналогия с высшими кастами в Индии, где гаплогруппа R1a достигает 72%. Похожая история с прибытием ариев была и на Аравийском полуострове, только она пока не так известна, как история с индийскими и иранскими ариями. Теперь наиболее горячие арабские головы поднимают вопрос, не был ли сам Магомет гаплогруппы R1a, а значит, получается, — и Исмаил (Ишмаэль), сын библейского Авраама, «родоначальник арабов» по Библии, а значит — и сам Авраам. Строго говоря, ответа на этот вопрос пока нет. Но учитывая, что Авраам (или как там звали на самом деле общего предка основной мужской линии евреев и арабов) жил четыре тысячи лет назад, как раз во времена ближневосточных походов ариев, то такая вероятность вовсе не исключена. Хотя я, честно говоря, в таком варианте сомневаюсь. Слишком это было бы закручено, если Авраам — младший потомок праславян, так сказать, побочный сын военных походов ариев.

Возвращаемся к славянам Русской равнины, а именно к их части, относящейся к гаплогруппе R1a. Говоря «славяне», мы в данном исследовании будем иметь в виду восточных славян, людей из рода R1a, в терминах ДНК-генеалогии. Хотя, как будет показано далее, их в целом только половина славян, остальные — славяне гаплогруппы I (примерно пятая часть), N1c1 (седьмая часть), и много относительно малых родов — E, G, R1b, Q, T и других, вплоть до долей процента. До самого недавнего времени наука не знала, как их обозначить в «научных терминах». Какой объективный, измеряемый параметр их объединяет? Собственно, и вопрос так не ставился. Если мы про древних R1a, то, согласно огромному массиву данных, накопленных лингвистикой, сравнительному анализу языков — это некие «индоевропейцы», «арии», пришельцы с севера (в Индию, Иран, на Ближний Восток): знают снег, холода, им знакомы береза, ясень, бук, им знакомы волк, медведь, лошадь. Сейчас стало известно, что это люди именно рода R1a, к которому принадлежат до 70% населения современной России (уже не в среднем, а по регионам). А далее к западу, к Атлантике, доля арийского, праславянско-

го рода R1a неуклонно падает, и у жителей Британских островов составляет лишь 2—4%.

Я здесь пишу «праславянского», потому что предки всех этих 2—4% на конце древнего миграционного пути, у Атлантического океана — почти исключительно выходцы с Русской равнины, как показывает ДНК-генеалогия. У них один и тот же род, что и у нас, гаплогруппы R1a, очень похожие гаплотипы, то есть, «маркерные» фрагменты ДНК, только общие предки этнических русских гаплогруппы R1a старше на одну-две тысячи лет, чем у англичан-ирландцев-шотландцев-скандинавов-голландцев-бельгийцев и прочих западноевропейцев.

Из приведенного выше неизбежно следует, что «индоевропейцы» — это и есть древний род R1a — арии. Тогда все, или, во всяком случае, многое становится на свои места — и с приходом людей этого рода в Индию, Иран, на Ближний Восток, и распространение людей того же рода по всей Европе, а отсюда — и появление индоевропейской группы языков (поскольку это на самом деле их, арийский язык и его диалекты), и появление «иранских языков» индоевропейской группы (поскольку это и есть арийские языки). Тем более, как мы увидим ниже, «иранские языки» появились уже после прихода ариев в Иран, а если точнее — то не «после», а стали результатом прихода туда ариев, во II тысячелетии до нашей эры.

А как сейчас смотрят на «индоевропейцев» современные науки? «Индоевропейцы» у них — это вроде слонопотама. «Индоевропейцы» в современной лингвистике и немного в археологии — это древние (как правило) люди, которые потом (!), через тысячелетия (!), пришли в Индию и как-то сделали так, что санскрит, литературный индийский язык, оказался в одной лингвистической связке с основными европейскими языками, кроме баскского и финно-угорских языков. И еще кроме тюркских и семитских, которые к индоевропейским языкам не относятся. Как они, европейцы, это сделали, как и откуда они оказались в Индии и Иране — лингвисты и археологи не поясняют. Более того, зачисляют в «индоевропейцы» и тех, кто в Индию вообще не приходили и к санскриту вроде бы отношения не имели, но, видимо, язык распространяли. Кельтов, например. Но при этом спорят, кто был индоевропейцем, а кто — не был. Критерии применяют самые различные, вплоть до формы посуды и характера узоров на ней.

Еще осложнение — поскольку многие иранские языки тоже относятся к индоевропейским, и тоже многим непонятно почему, то часто вместо «индоевропейские» говорят «индоиранские». Что еще хуже, «индоевропейцев» называют часто «индоиранцами». И появляются чудовищные конструкции, например: «На Днепре в древности жили индоиранцы». Это должно означать, что те, которые жили на Днепре, произвели через тысячелетия потомков, которые пришли в Индию и Иран, и как-то сделали так, что языки Индии и Ирана стали в определенной степени близки многим европейским языкам — английскому, французскому, испанскому, русскому, греческому и многим другим. Поэтому те древние, которые жили на Днепре за тысячелетия до того — «индоиранцы». С ума можно сойти! Более того, они говорили «на иранских языках»! Это при том, что «индоевропейские» древнейшие иранские языки появились во II тысячелетии до нашей эры, а те, на Днепре, жили 4000—5000 лет назад. И говорили на языке, который появится только через сотни, а то и тысячи лет.

Та же картина и с Аркаимом, со «страной городов». Опять, по словам историков-лингвистов, они там говорили «на иранских языках». Они — «иранцы». Опять с ума можно сойти! И это опять при том, что и историки, и лингвисты прекрасно знают, что арии появились в Индостане и на Иранском плато только через 500 лет после основания Аркаима. И принесли туда свой язык.

На арийском они говорили, дорогой читатель. Но это среди лингвистов упоминать просто страшно. Они и не упоминают. У них так не принято. Видимо, команды, приказа не поступало. А самим — боязно.

А кто такие «протоиндоевропейцы»? Это вроде протослонопотама. Стало быть, те, кто были предками тех, кто были предками вот тех, кто через тысячелетия пришли в Индию и Иран, и сделали так... ну и так далее.

Вот как представляют это лингвисты. Был некий «ностратический язык», очень давно. Его помещают в период от 23 тысяч до 8 тысяч лет назад, кто в Индию, кто в Центральную Европу, кто на Балканы. Если честно говорить, то никто из лингвистов не знает, когда и где этот «ностратический язык»

был в ходу, и у кого. А остальные лингвисты этот ностратический язык просто отвергают как таковой. К тому же не так давно в англоязычной литературе было подсчитано, что в научных источниках предлагали 14 разных «прародин» «индоевропейцев» и «протоиндоевропейцев». В.А. Сафронов в фундаментальной книге «Индоевропейские прародины» насчитал их 25 — 7 в Азии и 18 в Европе. Так вот, часть лингвистов полагают, что этот «ностратический» язык (или языки), на котором говорили «протоиндоевропейцы» и другие древние люди, примерно 8—10 тысяч лет назад распался на «индоевропейские» языки, и другие — неиндоевропейские (семитские, финно-угорские, тюркские). И «индоевропейцы», стало быть, повели свои языки. В Индию, правда, они попали через много тысячелетий, но они все равно «индоевропейцы».

С этим тоже разобрались. Лингвисты, правда, еще не разобрались. Они отмечают: «Хотя происхождение индоевропейских языков изучается наиболее интенсивно по сравнению с другими, это продолжает оставаться наиболее трудной и устойчивой проблемой исторической лингвистики... Несмотря на более чем 200-летнюю историю вопроса, специалисты так и не смогли определить время и место индоевропейского происхождения».

Здесь опять встает вопрос о прародине. А точнее, о трех прародинах — прародине «протоиндоевропейцев», прародине «индоевропейцев», и прародине славян. С прародиной «прото» — плохо, потому что плохо с прародиной «индоевропейцев». В настоящее время в качестве регионов — кандидатов на прародину «индоевропейцев» или «протоиндоевропейцев» более или менее серьезно рассматриваются три. Один вариант — Передняя Азия, или, более конкретно, турецкая Анатолия, или, еще более конкретно, район между озерами Ван и Урмия, чуть южнее границ бывшего СССР, в Западном Иране, он же Западный Азербайджан. Второй вариант — южные степи современных Украины и России, в местах так называемой «курганной культуры». Третий вариант — Восточная или Центральная Европа, или, более конкретно, долина Дуная, или Балканы, или Северные Альпы.

Время распространения «индоевропейского» или «протоиндоевропейского» языка тоже остается неопределенным,

и варьируется от 4500—6000 лет назад, если принять в качестве его носителей представителей «курганной культуры», до 8000—10 000 лет назад, если его носители — тогдашние жители Анатолии. Или еще раньше. Сторонники «анатолийской теории» полагают, что главным аргументом в ее пользу является то, что распространение сельского хозяйства по Европе, Северной Африке и Азии началось из Анатолии между 8000 и 9500 лет назад, и дошло до Британских островов примерно 5500 лет назад. Сторонники «балканской теории» пользуются теми же аргументами о распространении сельского хозяйства, правда, от Балкан в сторону Анатолии. Вопрос этот до сегодняшнего дня не решен. Есть масса аргументов за и против каждого из трех вариантов.

То же самое в отношении прародины славян. Поскольку никто до сих пор не связывал славян (праславян), ариев и индоевропейцев, и тем более не ставил знак исторического тождества между всеми тремя, то прародина славян — это отдельный, и тоже нерешенный вопрос. Этот вопрос обсуждается в науке уже более трехсот лет, но согласия, даже минимального, нет. Среди лингвистов общепринято, что славяне выходят на историческую арену лишь в VI веке нашей эры. Но это уже новые времена. А нас интересуют древние славяне и их предки, праславяне, скажем, три-пять тысяч лет назад и ранее. А с этим вообще плохо.

Некоторые считают, что «прародина славян» находилась в районе Припяти и Среднего Днепра. Другие полагают, что «прародиной славян» была территория от Днепра до Западного Буга, которую славяне занимали две-три тысячи лет назад. А где славяне были до того, и были ли они вообще — считают вопросом «неразрешимым на данном этапе». Третьи предполагают, что прародиной славян, как и «индоевропейцев» вообще, были степи юга нынешних России и Украины, но четвертые это с негодованием отметают. Пятые полагают, что прародина «индоевропейцев» и прародина славян все-таки должны совпадать, потому что славянские языки — очень архаичные и древние, и явно родственны санскриту. Другие поправляют, что не «индоевропейцев», а одной из их больших групп, тем самым намекая, что «индоевропейцы» должны быть разные. Какие — обычно не поясняется.

Время от времени упоминается некая «индоиранская общность», которая почему-то говорила на «балто-славянском праязыке». От этого уже голова начинает кружиться. Иногда фигурируют некие «причерноморские индоарии». Почему они вдруг «индо», в Причерноморье-то, при этом не поясняется. Лингвисты говорят, что так принято.

Привлекают антропологию, и говорят, что славяне в этом отношении близки приальпийской зоне (современные Венгрия, Австрия, Швейцария, Северная Италия, Южная Германия, Северные Балканы), а значит, праславяне двигались с запада на восток, а не наоборот, как утверждают сторонники «курганной культуры». Но указать на время этого передвижения антропологи и археологи не могут, поскольку славяне обычно сжигали трупы, а не хоронили их, что лишило ученых материала на протяжении двух с половиной тысячелетий. Некоторые полагают, что расселение праславян по территории Восточной Украины связано с распространением курганной археологической культуры, а значит, шло с востока на запад. Почти единодушно полагают, что население андроновской культуры было «индоиранским» по своей языковой принадлежности, что на Южном Урале, в Аркаиме, жили «индоарии», и создали его опять же «индоиранцы». Но в Иране и на его древней территории они никогда не были. Встречаются выражения «индоиранские племена на пути переселения в Индию». То есть они уже были «индоиранскими», хотя туда еще не переселились. Что угодно, вплоть до абсурда, только чтобы слово «арии» не употреблять.

Наконец, «околонаучная» литература ударяется в другую крайность, и утверждает, что «славяне-русы были прародителями почти всех европейских и части азиатских народов», и «от 60% до 80% англичан, северных и восточных немцев, шведов, датчан, норвежцев, исландцев, 80% австрийцев, литовцев — это ассимилированные славяне, славяне-русы». И что вообще чуть ли не все языки мира произошли от русского языка.

Ситуация примерно ясна. Можно переходить к сути моего изложения. Тем более, что наиболее «продвинутые» историко-лингвистические научные статьи, признавая, что вопрос о месте и времени возникновения «индоевропейского» языка остается нерешенным, призывают выйти за пределы

археологии и лингвистики и привлечь для решения вопроса «независимые данные», которые позволят взглянуть на проблему с другой стороны, и сделать выбор между основными теориями. Что я и делаю.

### *Ответы дает ДНК-генеалогия*

К сожалению, историки и лингвисты еще не осознали тот грандиозный ресурс, который дает ДНК-генеалогия. Но понемногу начинают осознавать. Хотя, как только начинают осознавать, все их естество приходит в панику, потому что следующий шаг — это становиться диссидентом в своей науке и начинать менять парадигму. Что влечет за собой плачевные последствия от научных начальников. А на улице оказаться никто не хочет, для этого надо быть независимым, в первую очередь — финансово. Таких в России мало, если вообще есть.

То, что я вынашиваю — это, условно говоря, «общая теория поля». А поле — это история, лингвистика, ДНК-генеалогия. Там же археология, антропология, этнография. Это должно быть единое поле, по своей сути. И ДНК-генеалогия там — связующее звено, общая база. И вот я, как тот хрестоматийный монах, бреду под дырявым зонтиком, и пытаюсь это поле осознать, сформулировать, описать концептуально. Естественно, делаю ошибки, но в основном терминологические, потому что термины в разных науках часто одинаковые, если даже обозначают разные вещи. Например, славяне. Или арии. Это нервирует и историков, и лингвистов — но в основном они зацикливаются не на сути, а на терминах, которые, естественно, можно менять. В этом отношении нужно идти на компромиссы и юстировать понятия во имя лучшего понимания истории и лингвистики, между прочим. А они не могут, не хотят, не умеют. Например, в естественных науках слово «фермент» означает «закваска» в микробиологии, и «биокатализатор» в биохимии. Совершенно разные понятия. И ничего, никто не путается. Потому что суть разная. Никто же не путается с тем, что Линкольн — это и президент, и автомобиль. Потому что контекст разный. А историки и лин-

гвисты часто про контекст и слышать не хотят, у них в ходу полная узурпация термина, иначе — не буду общаться.

Перейдем прямо к делу, напомнив только, что в ДНК каждого мужчины, а именно в его Y-хромосоме, имеются определенные участки, в которых постепенно, раз в несколько поколений, раз за разом в нуклеотидах накапливаются мутации. К генам это отношения не имеет. И вообще, ДНК только на 2% состоит из генов, а мужская половая Y-хромосома — и того меньше, там генов ничтожная доля.

Y-хромосома — единственная из всех 46 хромосом (точнее, из 23-х, которые несет сперматозоид), которая передается от отца к сыну, и далее к каждому очередному сыну по цепочке времен длиной в десятки тысяч лет. Сын получает Y-хромосому от отца точно такую же, какую тот получил от своего отца, плюс новые мутации, если таковые произошли при передаче от отца сыну. А случается это редко.

Насколько редко?

Вот пример. Это — мой 25-маркерный славянский гаплотип, род R1a:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16.

Каждая цифра — это число повторений определенной последовательности небольших блоков нуклеотидов (которые называются «маркеры») в Y-хромосоме ДНК. Она называется аллель. Мутации в таком гаплотипе (то есть случайное изменение числа блоков нуклеотидов) происходят со скоростью одна мутация примерно в 22 поколения, то есть в среднем раз в 550 лет — на весь гаплотип. Иначе говоря, на каждые 22 рождения мальчиков — в среднем — какая-то аллель изменяется.

В каждом маркере скорость мутации в среднем в 25 раз медленнее, то есть раз в 550 поколений, или примерно раз в 14 тысяч лет. Или, что то же самое — в среднем раз на 550 рождений мальчиков. Какая аллель изменится следующей — никто не знает, и предсказать нельзя. Статистика. Иначе говоря, здесь можно говорить только о вероятностях этих изменений.

В своих более ранних рассказах про ДНК-генеалогию я приводил примеры на так называемых 6-маркерных гаплотипах, маленьких, для упрощения. Или их еще называют «бикини-гаплотипы». Но для поисков прародины славян нужен инструмент значительно более точный. Поэтому будем использовать в этом рассказе 25-маркерные гаплотипы. Поскольку в Y-хромосоме у любого мужчины 50 миллионов нуклеотидов, то гаплотип с его цифрами в принципе можно наращивать насколько угодно длинным, дело только в технике определения нуклеотидных последовательностей. Гаплотипы определяют максимально на длину в 111 маркеров, хотя технически предела нет. Но и 25-маркерные гаплотипы — очень тонкое разрешение, такие гаплотипы даже научные статьи не рассматривают. Они обычно ограничиваются 8-, 10-, или 17-маркерными гаплотипами. В своих статьях я обычно анализирую 67-маркерные или иногда 111-маркерные гаплотипы, хотя по последним данных мало, в базах данных всего несколько сотен гаплотипов. В 67-маркерном варианте мой гаплотип выглядит следующим образом:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34
15 15 16 16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11
10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11
12 13.

Хотите мой 111-маркерный? Пожалуйста:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34
15 15 16 16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11
10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11
12 13 31 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30
12 14 25 13 9 10 18 15 20 12 24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17
9 11 11.

Привожу я его еще и потому, что среди людей настойчиво бродит боязливая сплетня, другого слова не подобрать, что якобы эти гаплотипы могут быть объектом некого биологического оружия, которое американцы (а кто же еще, не так ли?) направят прямо против некой гаплогруппы, естественно, R1a, или против конкретных гаплотипов. Это, конеч-

но, смешно. Тогда они у себя четверть страны положат. И все страны накроют, кроме, наверно, Африки, и то тем достанется. Так что выкладываю свой гаплотип во всех деталях, мне не страшно.

Совпадение подобных гаплотипов у двух людей, не связанных близким родством, крайне маловероятно. Иначе говоря, это есть фактический паспорт, выданный природой и записанный в ДНК навечно.

Чтобы не осложнять описание, будем дальше пользоваться 25-маркерными гаплотипами, хотя любой из приведенных ниже можно легко удлинить до 67-маркерного, а многие и до 111-маркерного. Гаплотипы чрезвычайно чувствительны к происхождению, говоря о генеалогических родах. Возьмем не R1a, а, скажем, южно-балтийский род, N1c1 в системе ДНК-генеалогии. Он тоже в основном славянский, во всяком случае, в настоящее время, и его имеют 14% этнических русских, особенно на севере России и в Прибалтике. Типичный 25-маркерный гаплотип этого рода выглядит так:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 18 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15.

Он имеет 28 мутаций на 25 маркерах по сравнению с приведенным выше 25-маркерным гаплотипом R1a (надо отметить, что некоторые мутации считаются по-особому, но на этом сейчас останавливаться не будем). Это соответствует разнице в тысячу триста поколений, то есть общий предок этих двух (ныне) славянских гаплотипов жил более 20 тысяч лет назад. Более детальное рассмотрение показывает, что общий предок R1a и N1c1 жил более 40 тысяч лет назад.

Чтобы стать славянами, оба рода прошли совершенно разными миграционными путями, хотя эти пути начались, видимо, на Русской равнине, прошли почти вместе до Южной Сибири, а затем диаметрально противоположно разошлись. Носители R1a прошли на запад по южной географической дуге, от Южной Сибири через Тибет, Индостан, пересекли Иранское плато, Анатолию (то есть современную Турцию), вышли на Балканы примерно 10 тысяч лет назад,

и около 5 тысяч лет назад перешли на восток, на Русскую равнину. Носители родительской гаплогруппы N1 пошли от Южной Сибири по северной географической дуге, в целом «против часовой стрелки», через Северный Урал и далее до Прибалтики. По этой миграционной траектории у них везде остались потомки, среди них, например, якуты, далее — уральцы, и так до Прибалтики. Поэтому назвать их одним общим именем трудно, якут от прибалта заметно отличается. А род — один.

Кстати, южные балты разошлись с финно-уграми две с лишним тысячи лет назад, хотя у тех и других — один род, N1c1. А вот ветви рода уже разные, и гаплотипы во многом различаются. И языки различаются, у первых в основном языки индоевропейские, славянские, у вторых — финно-угорские.

Такая же картина получается, если сравнить славян рода R1a, например, с евреями. Типичный ближневосточный гаплотип евреев (род J1) такой:

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 17 8 9 11 11 26 14 21 27 12 14 16 17.

Он имеет 32 мутации по отношению к славянскому R1a. Еще дальше, чем южные балты или финно-угры. А между собой евреи и финно-угры различаются на 35 мутаций.

В общем, идея ясна. Гаплотипы очень чувствительны при сравнивании с представителями разных родов. Они отражают совершенно разные истории рода, происхождение, миграцию родов. Да чего там финно-угры или евреи! Возьмем болгар, братушек. До половины их имеют вариации вот такого гаплотипа (род I2):

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31 17 8 10 11 11 25 15 20 32 12 14 15 15.

Он имеет 21 мутацию по отношению к приведенному выше восточнославянскому гаплотипу R1a. То есть оба они славянские, но род другой. Род I2 произошел от другого первопредка, миграционные пути рода I2 были совсем другими, нежели R1a. Это потом, уже в нашей эре или в конце про-

шлой, они встретились и образовали славянское культурно-этническое сообщество, а потом и письменность состыковали, и религию. А род в основном другой, хотя 12% болгар — восточнославянского, R1a рода.

Очень важно, что по числу мутаций в гаплотипах можно рассчитывать, когда жил общий предок группы людей, гаплотипы которых мы рассматриваем. Я не буду здесь останавливаться на том, как именно ведутся расчеты, чтобы не усложнять изложение. Все это есть в научной печати. Суть такова, что чем больше мутаций в гаплотипах группы людей — тем древнее их общий предок. А поскольку мутации происходят совершенно статистически, неупорядоченно, с определенной средней скоростью, то время жизни общего предка группы людей, принадлежащих к одному роду, вычисляется довольно надежно. Примеры будут приведены ниже.

Чтобы было понятнее, приведу простую аналогию. Дерево гаплотипов — это пирамида, стоящая на вершине. Вершина внизу — это гаплотип общего предка рода, от него пирамида расходится. Основание пирамиды, на самом верху — это мы, современники, это наши гаплотипы. Количество мутаций в каждом гаплотипе — это мера расстояния от общего предка, от вершины пирамиды, до нас, современников. Если бы пирамида была идеальной — трех точек, то есть трех гаплотипов в основании было бы достаточно, чтобы рассчитать расстояние до вершины. Но в реальности трех точек мало. Как показывает опыт, десятка 25-маркерных гаплотипов (значит, 250 точек) бывает достаточно для неплохой оценки времени до общего предка.

### *Немного математики, но скорее арифметики*

Хорошо, все-таки поделюсь, как считают. Допустим, среди этого десятка 25-маркерных гаплотипов пять одинаковые, а в остальных пяти есть суммарно 7 мутаций от этих пяти одинаковых. Например, вот таких в серии — пять одинаковых:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16.

А остальные пять — вот такие:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16,

13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 **16** 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16,

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 **29** 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16,

13 **24** 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16,

13 25 16 11 11 14 12 12 **11** 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 **16** 16.

Мутации выделены жирным шрифтом. Любой, кто разбирается в ДНК-генеалогии, тут же скажет, что общий предок этих десяти гаплотипов, а, точнее, этих людей, жил всего несколько веков назад, потому что мутаций мало. Более того, их предок и имел тот самый верхний гаплотип, который сохранился до настоящего времени у пяти его потомков, выбранных неупорядоченно. Так просто получилось, что у этих пяти так и остался предковый гаплотип, без изменений, но у их потомков рано или поздно мутирует. Может, уже в следующем поколении, а может, через 200—300 лет. Поэтому мутации считают от предкового гаплотипа (его в ДНК-генеалогии называют «базовым»), и чем больше суммарно мутаций, тем общий предок жил раньше.

Итак, у нас есть уже несколько исходных чисел: число гаплотипов в серии (10), суммарное число мутаций (7), число базовых гаплотипов в серии (5). Но нужен еще коэффициент, который переводит число мутаций в число лет до общего предка. То есть надо знать, сколько мутаций в среднем в гаплотипе происходит за определенный отрезок времени. За этот отрезок принимают «условное поколение» протяженностью в 25 лет. И вот после рассмотрения тысяч гаплотипов и сопоставления результатов с документальными генеалогиями (для которых времена известны, а ошибки мож-

но отфильтровать при массовых сопоставлениях), а также с известными историческими событиями, было найдено, что скорость мутаций в среднем одинакова для каждого 25-маркерного гаплотипа, независимо от того, какой он гаплогруппы, когда жил общий предок, где на планете он жил и в какое время.

Иначе говоря, мутации в ДНК — это молекулярные часы, которые тикают со средней постоянной скоростью на протяжении сотен тысяч и миллионов лет. Во всяком случае, со времен общего предка нас и шимпанзе средняя скорость мутации оставалась одинаковой. Для 25-маркерного гаплотипа она равна 0,046 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет). Для 37-маркерного гаплотипа — 0,090 мутаций на поколение. Для 67-маркерного гаплотипа — 0,120 мутаций на поколение. Для 111-маркерного гаплотипа — 0,198 мутаций на поколение. Если разделить на число маркеров в каждом случае, то средняя скорость мутации на маркер равна 0,00184, 0,00243, 0,00179 и 0,00178 мутаций на поколение, то есть — опять же в среднем — примерно 0,002 мутации на поколение, или одна мутация на маркер происходит примерно раз в 500 лет.

Но удобнее считать в скоростях мутаций на гаплотип в целом. Тогда эти приведенные выше значения — 0,046, 0,090, 0,120, 0,198 — это константы скорости мутаций в гаплотипах Y-хромосомы ДНК. Теперь у нас есть все для расчетов, во всяком случае, расчетов упрощенных, без внесения разных обоснованных поправок, которые в науке часто приходится вносить. Даже при стрельбе из винтовки приходится делать поправку на силу и направление ветра. Так и в ДНК-генеалогии — чем древнее предок, тем больше вероятность того, что мутация вернется обратно, как будто ее и не было. Приходится делать расчетную поправку, поскольку вероятности мутации «вперед» и «назад», как показали специальные исследования, одинаковы.

Итак, считаем. Со времени жизни общего предка до настоящего времени в десяти 25-маркерных гаплотипах произошло 7 мутаций. Константа скорости мутации — 0,046 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Получаем: 7/10/0,046 = 15 условных поколений, или 15x25 = 375 лет. Итак, общий предок этих десяти человек жил примерно 375

лет назад. Такие серии обычно наблюдаются у первых переселенцев в Америку (на территорию будущих США). В науке положено считать и «доверительный интервал», чтобы показать границы надежности получаемых расчетов, но этого мы здесь делать не будем. Тот, кто знает, как их считать, немедленно посчитает сам. Кто не знает, тому пока и не нужно. Я же здесь, так сказать, концептуально рассказываю.

Есть еще один, совершенно другой способ расчета, который уже выходит за пределы арифметики. Нужно разделить общее число гаплотипов в серии (10) на число базовых гаплотипов (5), взять натуральный логарифм, и разделить все это на константу скорости мутации. Вот так: $[\ln(10/5)]/0{,}046 = 15$ условных поколений до общего предка, 375 лет назад. Получилась та же самая величина, что и при «линейном» методе расчета.

Когда эти два метода расчетов дают совпадающие результаты, это означает, что расчеты принципиально верные, и что у данного набора гаплотипов был действительно один общий предок. Такая динамика накопления мутаций и убывания немутированных гаплотипов называется «кинетикой первого порядка», и означает, что ее задает только один «внутренний фактор», в данной случае, биологическая система копирования ДНК от отца к сыну. Время от времени копирующий фермент (ДНК-полимераза) дает сбой, и происходит ошибка в копировании. Как было показано выше, в 25-маркерных гаплотипах такая ошибка происходит в среднем раз в 550 лет. Никакой стиль питания, внешняя радиация, образ жизни, климатические условия, место жительства (страна или континент), широта или долгота на это влияния не оказывает.

### *Возвращаемся к гаплотипам*

25-маркерные (а на самом деле и 67- и 111-маркерные) гаплотипы русских, белорусов, украинцев рода R1a были получены из международной базы данных YSearch. Носители этих гаплотипов — наши современники, живущие от Дальнего Востока до Западной Украины и Белоруссии, и от северных до южных окраин. И вот таким образом было рассчитано, что общий предок русских, украинских, белорусских

славян рода R1a жил 4900 лет назад. Это цифра — вполне надежная, она проверена перекрестным расчетом по гаплотипам разной длины. И, как мы сейчас убедимся, эта цифра не случайна. Расчеты велись по 67- и 111-маркерным гаплотипам. Это уже высший пилотаж ДНК-генеалогии, если называть вещи своими именами.

Оказалось, что общий праславянский предок, живший 4900 лет назад, имел вот такой гаплотип в Y-хромосоме своей ДНК:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16.

Для сравнения — вот мой гаплотип:

13 **24** 16 11 11 **15** 12 12 10 13 11 30 **16** 9 10 11 11 24 14 20 **34** **15** 15 **16** 16.

У меня по сравнению с праславянским предком набежало 7 мутаций (выделены жирным шрифтом; здесь вынужден уходить в детали, что мутация 12-15→15-15 является одношаговой, потому на вид там 10 мутаций, а на самом деле 7). Если вспомнить, что мутации в таком гаплотипе происходят раз примерно в 550 лет, то меня от предка отделяет 3850 лет, с поправкой на возвратные мутации — 4550 лет. Но мы говорим о статистике, и для всех на круг получается 4900 лет. У меня набежало меньше мутаций, у кого-то другого — больше. Иначе говоря, каждый из нас имеет свои индивидуальные мутации, но гаплотип предка на всех один. И он, как мы увидим, держится таким почти по всей Европе.

Хорошо, пройдем дальше. Вот — 111-маркерный гаплотип общего праславянского предка, жившего на Русской равнине 4900 лет назад:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

А вот — мой:

13 **24** 16 11 11 **15** 12 12 10 13 11 30 — **16** 9 10 11 11 24 14 20 **34** **15** 15 **16** 16 — 11 11 19 23 **15** 16 **17** **21** **36** **41** **12** 11 — 11 **9** 17 17 8 **11** 10 8 **10** 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **15** 23 21 12 **13** 11 13 11 11 12 13 — **31** 15 9 15 12 **25** 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 **12** 30 12 **14** **25** 13 9 10 **18** 15 20 **12** **24** 15 12 15 24 12 23 19 **11** 15 17 9 11 11.

31 мутация набежала у меня по сравнению с моим праславянским предком на 111 маркерах (выделено). Но — обратите внимание — было 7 мутаций на 25 маркерах, то есть 7/25=0,28 мутаций на маркер, стала 31 мутация на 111 маркерах, то есть 31/111=0,28 мутаций на маркер, точно та же величина. Вот она, сила статистики и, соответственно, ДНК-генеалогии.

Итак, переведем дыхание. Наш общий праславянский предок на территории современных России — Украины — Белоруссии — Польши жил 4900 лет назад. Ранний бронзовый век, или даже энеолит, переход от каменного века к бронзовому. Чтобы представить себе масштаб времени, это — намного раньше исхода евреев из Египта, по библейским сказаниям. А выходили они, если следовать толкованиям Торы, 3500—3600 лет назад. Если отвлечься от толкования Торы, что, конечно, не есть строгий научный источник, то можно отметить, что общий предок восточных славян жил на тысячу лет раньше извержения вулкана Санторин (Тера), уничтожившего минойскую цивилизацию на острове Крит.

Теперь мы можем начать выстраивать последовательность событий нашей древнейшей истории. 4900 лет назад праславяне рода R1a появились на Русской равнине, причем не просто какие-то праславяне, а именно те, потомки которых живут в наше время, числом в десятки миллионов человек. 3800 лет назад арии, потомки тех праславян (и имеющие идентичный предковый гаплотип, как будет показано ниже), построили городище Аркаим (его теперешнее название), Синташту и «страну городов» на Южном Урале. 3600 лет назад Аркаим арии покинули, и перешли в Индию. Действительно, по данным археологов, городище, которое сейчас назвали Аркаимом, просуществовало всего 200 лет.

Стоп! А откуда это мы взяли, что это были потомки наших предков, праславян?

Как откуда? А R1a, метка рода? Она, эта метка, сопровождает все гаплотипы, приведенные выше. Значит, по ней можно определить, к какому роду относились те, кто ушли в Индию.

Кстати, вот еще данные. В недавней работе международного научного коллектива определили восемь ископаемых гаплотипов из Зауралья — Северного Казахстана (то, что называется андроновской археологической культурой), и оказалось, что семь из них принадлежат роду R1a, и один — монголоид, рода С. Датировка — 3800—3400 лет назад. Гаплотипы рода R1a, например, вот такие:

13 25 16 11 11 14 X Y Z 14 11 32.

Здесь нерасшифрованные маркеры заменены буквами. Очень похожи на славянские гаплотипы R1a, приведенные выше, на первых 12 маркерах, особенно если учесть, что эти древние несут еще и индивидуальные, случайные мутации.

В настоящее время доля славян, потомков ариев гаплогруппы R1a в Литве — 38%, в Латвии — 41%, в Белоруссии — 50%, на Украине — 45%. В России славян R1a в среднем 48%, за счет высокой доли южных балтов на севере России, но на юге и в центре России доля восточных славян R1a достигает 60—75%.

### *Гаплотипы индусов R1a и время жизни их общего предка*

Сразу оговорюсь — я умышленно пишу «индусов», а не «индийцев», потому что индийцы в большинстве своем относятся к аборигенам, дравидам, особенно индийцы юга Индии. А индусы — это в своей массе как раз носители гаплогруппы R1a. Написать «гаплотипы индийцев» было бы неправильно, так как индийцы в целом принадлежат к самым разным родам ДНК-генеалогии.

В этом смысле выражение «гаплотипы индусов» симбатно выражению «гаплотипы славян». В нем есть отражение

«этнокультурной» составляющей, но это и есть один из признаков рода.

В последующей главе настоящей книги про гаплотипы славян и индусов я пишу, что у них, славян и индусов, оказался один и тот же общий предок. И те, и другие во множестве принадлежат к роду R1a, только у русских таких 50—75%, у индусов — 16%. То есть русских из рода R1a 40—60 миллионов мужчин, у индусов — 100 миллионов. Но в той главе я описываю только вид гаплотипов, причем коротких, задача той главы — не провести расчеты, а показать явление. А здесь мы определим, когда же жили общие предки восточных славян и индусов.

Вот — предковый гаплотип индусов того же рода, R1a:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 **31** 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16.

Практически точно такой же, как и гаплотип первопредка славян группы R1a. Выделена одна мутация, но фактически мутаций там нет, доли единицы, просто округлено в разные стороны, как 30,46 и 30,53. На самом деле это то же самое. Возраст общего предка индусов — 3850 лет. На 1050 лет моложе, чем у славян.

Поскольку предковые гаплотипы у индусов и славян практически совпадают, и славянский гаплотип на тысячу лет старше, то ясно, что это праславяне пришли в Индию, а не наоборот. Строго говоря, это были не праславяне, а праиндусы, но они были потомками праславян.

Если сложить все гаплотипы славян и индусов, раз они предположительно от одного предка, то отличия вообще исчезают. Общий предковый гаплотип славян и индусов:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16.

Он идентичен гаплотипу общего предка славян группы R1a. Время жизни общего предка славян и индусов — 4300 лет назад. Это потому, что при сложении произошло усреднение. Если совсем упрощать — то потому, что не все дошли до Индии. У тех, кто дошел, общий предок уже был «моло-

же». Предок — праславянский, он старше. Через 500 лет праславяне-арии постоят Аркаим, еще через 200 лет уйдут в Индию, и индусы начнут отсчет от своего общего предка, опять же праславянского, 3850 лет назад. Все сходится.

Если это кому-то все же кажется неубедительным, то перейдем опять в высший пилотаж ДНК-генеалогии, и в качестве дополнительной иллюстрации этим исследованиям совместной истории предков на Русской равнине и в Индостане, опять приведем 67-маркерный гаплотип автора, славянина гаплогруппы R1a,

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16 — 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 — 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13,

и три типичных 67-маркерных гаплотипа индийцев-«индоевропейцев», тоже гаплогруппы R1a, совершенно неупорядоченно взятых с индийского сайта FTDNA (это — проект при американской тестирующей компании FamilyTreeDNA, куда индийцы выставляют свои гаплотипы). Мутационные различия между ними выделены:

13 24 **17** **10** 11 14 12 12 10 13 11 **32** — 16 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16 — 11 **10** 19 23 **16** 16 **17** **20** **33** **34** **13** 11 — 11 8 17 17 8 **11** 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 13 13 11 13 11 11 12 **13**;

13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 11 **31** — 16 9 10 11 11 24 14 20 **33** 12 15 15 16 — **10** 12 19 23 15 17 18 **18** 35 **41** **15** 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23 21 **12** **12** 11 13 **10** 11 12 12;

13 **23** 16 11 **12** **15** 12 12 10 13 11 **30** — 9 10 11 11 24 14 20 **30** 12 **16** **16** 16 — 11 12 19 23 15 16 18 **21** 35 **39** **12** 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 **16** 10 12 12 13 8 14 **24** **22** 13 13 11 13 11 11 12 12.

Степень сходства между всеми четырьмя гаплотипами видна сразу. Заметим, что число мутаций между индийскими гаплотипами попарно равно 27—30, и между славянским (по

определению) гаплотипом автора и каждым из индийских — тоже попарно — мутационная разница равна 25—30, Иначе говоря, гаплотип автора ближе к индийцам, чем они сами между собой. На самом деле это различие в пределах погрешности, и различия практически равны друг другу.

Для примера — типичный базовый западноевропейский гаплотип (гаплогруппы R1b), который (и его производные) имеют примерно 60% западно- и центральноевропейцев, и до 90% жителей Британских островов, имеет вид:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 — 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 — 11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 — 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12.

Число мутаций между ним и индийскими гаплотипами (и гаплотипами этнических русских) приближается к 50-ти, что не удивительно — их предков разделяют не менее 30 тысяч лет. В Индии и Иране гаплотипов гаплогруппы R1b очень мало, почти нет, и то в основном недавние, напоминание английского колониализма. Среди ариев 3500 лет назад предков современных западноевропейцев, похоже, не было.

Стоит отметить, что в высших индийских кастах в настоящее время до 72% носителей гаплогруппы R1a, по данным индийских авторов.

В настоящее время доля индийцев рода ариев, R1a, по всей стране составляет 16%, на втором месте после самой распространенной индийской «автохтонной» гаплогруппы H1 (20%). А в высших кастах, повторим, гаплогруппа R1a занимает до 72%. Остановимся на этом немного подробнее.

Как известно, общество в Индии подразделяется на касты и племена. Четыре основных касты, или «варны» — брахманов (священнослужителей), кшатриев (воинов), вайшьев (торговцев, земледельцев, скотоводов) и шудр (рабочих и слуг). В научной литературе они подразделяются на «индоевропейские» и «дравидские» касты, в каждой из которых три уровня — высшая каста, средняя и низшая. Племена подразделяются на индоевропейские, дравидские, бирма-тибетские и австрало-азиатские. Как было определено недавно, вся эта мужская популяция в Индии может быть подразделена

на десяток-полтора основных гаплогрупп — монголоидную C, ирано-кавказскую G, индийские H, L и R2 (которые кроме Индии встречаются в мире крайне редко), ближневосточную J1, средиземноморскую (и ближневосточную) J2, восточноазиатскую O, сибирскую Q, восточноевропейскую (арийскую) R1a, западноевропейскую (и азиатскую) R1b. Кстати, европейские цыгане, как известно, вышедшие из Индии 500—800 лет назад, в подавляющем большинстве имеют гаплогруппы H1 и R2.

Основная доля обеих высших каст, индоевропейской и дравидской, состоит из представителей арийской гаплогруппы R1a. Их — до 72% в индоевропейской высшей касте, и 29% в дравидской высшей касте. Остальные члены высших каст — носители индийских гаплогрупп R2 (16% и 10%, соответственно), L (5% и 17%), H (12% и 7%), остальных — единицы процентов или меньше. Выше уже отмечалось, что среди ариев 3500 лет назад предков современных западноевропейцев не было. Знаете, сколько среди браминов носителей западноевропейской гаплогруппы R1b? Ни одного человека. Ни одного из 367 браминов, тестированных на гаплогруппы.

Так что да, говорят современные западноевропейцы на языках индоевропейской группы. Но в древности они к «индоевропейцам» отношения не имели. Не было их предков в Индии в те времена, в середине 2-го тысячелетия до нашей эры. Есть серьезные основания полагать, что и индоевропейский язык к западноевропейцам пришел относительно недавно, уже после прихода ариев в Индию и Иран, и принесли его опять же носители гаплогруппы R1a, на рубеже 1—2 тысячелетий до нашей эры. Всего лишь три тысячи лет назад. А до того у предков современных западноевропейцев были странные для нашего слуха языки. Язык басков (гаплогруппа в основном R1b) — из тех времен, как пишут лингвисты — «происхождение языка неизвестно». А также, наверное, языки иберов, пиктов, лигуров, тирренские языки, возможно, и язык этрусков. Неиндоевропейские языки.

Но вернемся к кастам и племенам в Индии. В племенах, в отличие от каст, напротив, преобладают восточноазиатская гаплогруппа O (53% у австрало-азиатских, 66% у бирма-тибетских и 29% у «индоевропейских» племен), и «абориген-

ная» индийская H (37% у дравидских племен). В целом гаплогруппы O в племенах в 17 раз больше, чем среди браминов. Гаплогруппы H* — в 20 раз. Гаплогруппы H1 — в пять раз. Гаплогруппы J2 — почти поровну. Гаплогруппы L — поровну.

В принципе, это согласуется с древними потоками миграции. Самый древний поток, 40—25 тысяч лет назад, привел будущих дравидов, восточных азиатов и австралоазиатов на юг, в Индию, но откуда привел — науке пока не очень известно, то ли с запада, например, из Месопотамии, то ли с юга. Еще один поток, а возможно, небольшой ручеек, привел 15—12 тысяч лет назад самых ранних носителей R1a с востока, из Южной Сибири, с Алтая, по дороге на запад. Потомки этих самых первых R1a так и живут с тех пор в джунглях, в индийских племенах. В высшие касты они, как правило, не попадали. Через многие тысячелетия, примерно 8 тысяч лет назад, вторая волна дравидов пришла в Индию со Средиземноморья и Ближнего Востока, принеся с собой навыки нарождающегося сельского хозяйства, вместе с гаплогруппой J2, которой сейчас в высших кастах до 24%, и в племенах — до 33%. И, наконец, 3500 лет назад носители гаплогруппы R1a прибыли в Индию с Южного Урала под именем ариев. Под ним они и вошли в индийский эпос. Интересно, что сама система индийских каст была создана примерно те же 3500 лет назад. Они же, потомки ариев, и составили большинство высших каст даже через три с половиной тысячелетия.

Итак, повторим опять. Славяне и индусы имеют одного общего предка рода R1a, который жил примерно 4300 лет назад, а предок самих славян, с тем же гаплотипом, жил несколько раньше, 4900 лет назад. Его потомок через 1050 лет начал генеалогическую линию у индусов 3850 лет назад, как раз от времен начала Аркаима. R1a — это и были арии, которые пришли в Индию. А когда они пришли, и что их туда привело — я расскажу позже, а до этого посмотрим, когда жили общие предки рода R1a по всей Европе. Затем составим общую картину, где они жили раньше всех, то есть где была их прародина, и куда и когда они с прародины передвигались.

Мы уже с полным основанием можем называть их ариями, вместо безликого R1a, и уж тем более вместо неуклюжего «индоевропейцы» или «протоиндоевропейцы». Арии они,

дорогой читатель, арии. И ничего «индоиранского» в них не было, до того, естественно, пока они не пришли в Индию и Иран. И язык они не из Индии или Ирана получили, а напротив, свой туда принесли. Арийский. Праславянский. Санскрит. Или протосанскрит, если угодно.

### *Почему слово «арии» для некоторых такое страшное*

Смотрим в Большую Советскую Энциклопедию и читаем: «Единственно оправданным и принятым в настоящее время в науке является применение термина «арии» лишь по отношению к племенам и народам, говорившим на индоиранских языках».

Это надо же — так лихо и директивно откреститься от своих предков.

И далее: «В языкознании арийскими называются индоиранские языки».

На самом же деле, это наши предки-арии принесли язык в Иран, и через тысячелетия, уже в наше время, его лингвисты назвали «иранским». А поскольку есть большая школа иранских языков, то арийские стали принимать за иранские, перепутав причину со следствием.

Иранские языки относятся к индоевропейским, и датировка их следующая: древнейшие, от II тысячелетия до н.э. до 300—400 лет до н.э., средний — от 300—400 лет до н.э. до 800—900 лет н.э., и новый — 800—900 лет н.э. по настоящее время. То есть, древнейшие иранские языки датируются уже *после* ухода ариев в Индию и Иран, и более чем через 1000 лет *после* жизни праславянского предка (4900 лет назад). Если понимать термин «иранский язык» как язык, на котором говорили в Иране до прихода ариев (лингвисты, конечно, не это имеют в виду), то на таком иранском языке он, наш предок, говорить никак не мог; это — сугубо лингвистический термин, и к динамике происхождения родов и народов отношения не имеет. На арийском говорил: арийский язык его потомки тысячу-полторы лет спустя и принесли в Иран. А западно-иранская группа языков появилась вообще примерно в 500 г. до н.э.

Вообще лингвисты в названии языков отличаются особой вольностью, постоянно путая причину со следствием. В языки уральской группы они в своей безграничной мудрости постоянно вставляют слово «финские», «финно-угорские», «финно-пермские», «финно-волжские», «прибалтийско-финские». На самом деле это не согласуется с картиной миграций народов, родов, гаплогрупп. Эти миграции шли разными группами — будущие финны отдельно, будущие южные балты — отдельно. Они — не финны по происхождению, по генеалогии, как будет показано в последующих главах этой книги. Нет на Урале финнов, финны — это конечная точка миграции в Скандинавии, а не начальная, причем конечная точка всего небольшой части миграционных потоков — и людей, и языков. Хорошо еще, что английский язык не назвали «американо-индейским», или «австрало-аборигенским», на том основании, что конечной точкой миграций (в их части) были Америка и Австралия. А вот арийский язык назвали «иранским», именно по конечной точке одной из миграций, а потом — и «индоевропейским».

Так арии и праславяне стараниями наших ученых стали безликими «индоевропейцами», а арийские, древнеславянские языки стали «иранскими» и «индоиранскими». Это тоже политкорректно. И пошли совершенно фантастичные пассажи, принятые в научной литературе, что «на Днепре жили ираноязычные племена», что «скифы были ираноязычны», что «жители Аркаима говорили на иранских языках». На арийских они говорили, дорогой читатель, на арийских. Они же — древнеславянские языки. И об этом — тоже наше повествование.

Надо, конечно, сказать, что сочетания слов «арийские языки» и «древнеславянские» вводят лингвистов в ступор. По ДНК-генеалогии арии и славяне (во всяком случае, от половины до трех четвертей славян) это один и тот же род, имевший общего предка, и языки у них обязаны расходиться из одного общего корня. Они и сейчас похожи, как видно из сопоставления русского языка и санскрита. Но лингвисты провели разделение арийских и славянских языков по другим принципам, по другим реперным точкам, и тем самым загнали себя в тупик, из которого они выхода не видят. А на самом деле никакой проблемы нет: проведи разделение по

другим реперным точкам, и проблема решена, очень простая альтернатива. Природа нам вообще сплошные альтернативы предоставляет. И тогда арийские языки и славянские сразу становятся родственными, что и есть на самом деле. Но у лингвистов, как и у многих историков, есть страшное правило: «шаг в сторону — побег». Это в естественных науках есть гибкость, там природа диктует. А в лингвистике и истории диктуют начальники. Там гибкости — никакой, а не то — без выходного пособия. Вот такой сугубо агрессивно-бюрократический подход.

То же самое и про ариев, мы к этому еще подойдем. В современной «науке» этого толка диктуется не то, что на самом деле, а то, как принято и бюрократами от науки утверждено. Вот характерный пример, который описан в последующих главах. Была у меня публичная дискуссия с российским историком и (отчасти) лингвистом Л.С. Клейном. И я упомянул про арийские гаплогруппы R1a с Русской равнины. От Л. Клейна последовал ответ: *«Те арии, которые ворвались в Индию во втором тысячелетии до н. э. и которые образовали там высшие касты, никак не могут происходить с Русской равнины, что бы ни говорили об этом гаплотипы. Это было степное население»*.

Замечаете ментальность? Для него это — шаг в сторону, значит, надо одернуть, указать. А ведь Русская равнина включает и причерноморские степи, и простирается от этих степей далеко на восток, включая и часть Казахстана! Вот хотя бы Википедия:

«**Восточно-Европейская равнина**, или **Русская равнина** — одна из крупнейших равнин земного шара... На севере омывается водами Белого и Баренцева, а на юге — Черного, Азовского и Каспийского морей. На северо-западе ограничена Скандинавскими горами... на востоке — Уралом и его продолжением Мугоджарами. Протяженность с севера на юг — около 2750 км, с запада на восток — около 2500 км... На территории равнины полностью либо частично расположены Белоруссия, Латвия, Литва, Эстония, Молдавия, Россия, Украина, Финляндия, Швеция, Польша, Румыния, Болгария и Казахстан».

Вы видите проблему? В понятие арии входит понятие «степи». Все, дальше этого мозг отключается, понятие «Рус-

ская равнина» уже не входит. Произнес — нарушил бюрократические правила. И дальше — вердикт Л. Клейна: «Что бы ни говорили об этом гаплотипы... значит что-то у Вас неверно решено». Ну как можно при таком «подходе» объяснять, что на гаплотипах в ДНК слово «степи» не написано. Миграции арийских R1a прошли со стороны Балкан через Русскую равнину, до Индии и Ирана они не по воздуху перелетели. Письменные источники, археология говорят о том, что они прошли по южной дуге, через степи и лесостепи. Ну и замечательно, для полной картины нужно объединить усилия более традиционных наук и ДНК-генеалогии. Что же в этом плохого?

А для него — плохо. Неправильно. «У вас неверно решено». Надо заткнуть. Не дать возможности принести новое знание. Вот в чем проблема гуманитарных наук. Как раньше, в СССР 1950-х годов, так и сейчас.

Как я написал в публичном ответе, «да и вовсе не в том суть. Если я написал, что арии были на Русской равнине (а как мы видим, это была именно Русская равнина), а Л. Клейн считает, что это было степное население, то одно другому нисколько не противоречит. Я тоже считаю, что были степным и лесостепным населением, и что это меняет? Нужно ли Л. Клейну делать вид, что я говорю неправду? Что у меня «неверно решено»? Что за страсть мелочиться, кусочничать, когда перед нами меняется парадигма исторической науки? Ну и написал бы Л. Клейн, что вот А. Клёсов пишет верно, и датировки правильные, и направление миграции верно определено, только я бы подчеркнул, что им на колесницах сподручнее было по степи и лесостепи ездить». Так я был бы полностью «за».

Согласно индийским ведам, именно арии пришли в Индию с севера, и это их гимны и сказания легли в основу индийских вед. И, продолжая дальше, ведь это русский язык (и родственные ему балтийские языки, например, литовский) ближе всех к санскриту, а от русского и балтийских языков и до Европы рукой подать. Стало быть, балто-славянские языки и есть важная часть, если не основа «индоевропейских языков», не так ли? То есть, они же и арийские языки, если называть вещи своими именами.

Так, никто и не спорит. Но, знаете ли, это как-то неправильно славянам такую честь оказывать. «Индоевропейские языки» — это политкорректно, некие безликие «индоевро-

пейцы» — тем более политкорректно, славяне — не очень политкорректно. А уж арии — это, знаете ли, чревато. А почему чревато?

Вот как это определяет Большая Советская Энциклопедия: «Уже с середины 19 в. понятие «арии» (или «арийцы») применялось для определения народов, принадлежавших к индоевропейской языковой общности. Это употребление термина было развито в расистской литературе (в особенности в фашистской Германии), придавшей ему тенденциозное и антинаучное значение».

Ну, в том, как мы рассчитывали данные по временам жизни ариев, ничего расистского не было. Поэтому нацистскую Германию сюда тащить не будем. А еще почему чревато?

Арии, знаете ли, — это страшновато. Это еще граждане во времена ГУГБ НКВД СССР знали, а особенно сотрудники этой организации. В то время была разработка Секретно-политического отдела (СПО) под названием «Арийцы», которая увязывала это слово с обвинениями в создании и пропаганде фашистских организаций в СССР. Как пишут источники того времени, основные обвинения выдвигались против представителей советской интеллигенции — преподавателей высших и средних учебных заведений, литературных работников издательств. В частности, по «арийскому делу» была арестована и осуждена группа сотрудников по выпуску иностранных словарей. В общем, об этом можно говорить много. Как отмечает историк А. Буровский, «попробуйте заговорить об ариях в профессиональном сообществе — и уважаемые коллеги мгновенно напрягутся, подтянутся... Сомнительная тема, нехорошая. Лучше этой темой вообще не заниматься, спокойнее. А если уж занялся, то никаких выводов делать не надо».

Но мы сделаем, и не один.

Итак, стало ясно, что род R1a в ДНК-генеалогии — при рассмотрении древних времен, в частности, 6000—2500 лет назад — это арии, они же наши предки, праславяне, они же «индоевропейцы». Свой арийский язык, он же праславянский, они принесли в Индию и Иран 3500—3400 лет назад, то есть за 1400—1500 лет до нашей эры. В Индии он трудами великого Панини был отшлифован в санскрит примерно 2400 лет назад, близко к рубежу нашей эры, а в Персии-Иране арийские языки стали основой группы иранских языков,

древнейшие из которых датируются II тысячелетием до н.э. Все сходится.

Вот что значит, когда у лингвистов нет в руках дат жизни и миграции ариев, в частности, на территории современных Индии и Ирана. Отсюда им, ариям, а потом и всем другим — жителям Русской равнины, Приднепровья, Причерноморья, Прикаспия, Южного Урала — было присвоено звание «индоевропейцев» и более того, «ираноязычных», — с точностью до наоборот.

Вот откуда эти неуклюжие «индоевропейцы» взялись. На самом деле арийские языки у них и без всякой Индии или Ирана были, по всей Русской равнине и до Балкан. Ими же, ариями, язык был принесен в Европу еще 10—9 тысяч лет назад, ими же — и в Иран, и в Индию, примерно 3500 лет назад. От Индии до Европы — одна и та же группа языков — арийских. А ее взяли и назвали «индоевропейской», «индоиранской», «иранской». И, что вообще уму непостижимо, наши люди, наши предки, праславяне оказались «индоевропейцами», а то и «иранцами». «Ираноязычные жители Днепра». Каково? Пора, наконец, филологам-лингвистам наводить у себя порядок. Мы, специалисты в ДНК-генеалогии, поможем.

## *Праславяне-арии в Европе и за ее пределами. Европейская «прародина» славян, ариев, «индоевропейцев»*

Так в какую сторону шел арийский, праславянский поток — на запад, в Европу, или наоборот, на восток? По регионам — на повышение от 4900 лет, или на понижение? В Индию, как мы уже видели — на понижение, от 4900 до 3850 лет. Значит, поток с территории нынешней России шел на восток. А западнее?

И вот здесь наше повествование выходит в совершенно неожиданный, так сказать, ракурс. Я еще несколько лет назад собрал 25-маркерные гаплотипы рода R1a по всем странам Европы, и для каждой страны или региона определил гаплотип общего для популяции предка, и когда этот предок жил. Оказалось, что почти по всей Европе, от Исландии на севере до Греции на юге, общий предок был один и тот же! Иначе го-

воря, потомки как эстафету передавали свои гаплотипы своим же потомкам по поколениям, расходясь из одного и того же исторического места, прародины праславян, прародины «индоевропейцев», прародины ариев, которой оказались Балканы. И не просто Балканы, а Сербия, Босния, Хорватия, Македония. Это — ареал самых древних европейских гаплотипов рода R1a. И время жизни первопредка, на которое указывают самые древние, самые мутированные гаплотипы — это примерно 10—9 тысяч лет назад. В последующем те же выводы подтвердились при рассмотрении 67-маркерных гаплотипов, значительно более надежных объектов исследования, и результаты — если это кого интересует — были опубликованы в серии статей в журнале Advances in Anthropology, то есть «Успехи Антропологии», в 2011—2012 гг. ДНК-генеалогия совершенно определенно указывает, что на протяжении почти 6 тысяч лет наши праславянские балканские предки жили в тех краях, никуда особо не передвигаясь. Если и передвигались — следов тех активистов в гаплотипах наших современников пока почти не найдено. «Почти» — потому что доля тех древних гаплотипов составляет всего небольшую долю процента от гаплотипов R1a в Европе. Иначе говоря, те древние линии практически не дожили до нашего времени. Возможно, их и не осталось, одна надежда на ископаемые гаплотипы, но их пока проанализированы единицы. Но примерно 6 тысяч лет назад началось Великое переселение народов — видимо, в связи с переходом к новым формам хозяйствования и необходимостью освоения новых территорий. Первое выдвижение — на Карпаты, на территорию исторической Буковины. Там, где найдена загадочная трипольская культура, которая, по мнению археологов, так же загадочно и пропала.

А она не пропала. Потомки трипольцев там и живут. Их общий предок, по местным гаплотипам, принадлежал роду R1a. Праславянин. И гаплотип того предка нам теперь известен. Он — тот же, что и гаплотип предка восточных славян. Та же семья. Кстати, еще один маркер, уже другого типа — это свастика, древний символ ариев. Он найден и на керамической посуде древнего Триполья, и на Русской равнине, и в Индии, Иране, и в Аравии. Везде, куда доходили древние арии. Об этом будет в одной из последующих глав этой книги.

И далее пошли расходиться волны миграций рода R1a во все стороны, с Балкан (археологическая культура Винча и культуры, ей родственные) и Буковины (трипольская культура). Практически во все стороны, 6—5 тысяч лет назад, третье-четвертое тысячелетие до нашей эры.

Германия — точно такой же 25-маркерный гаплотип, что у восточных славян, 4600 лет назад:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16.

Сейчас его обладателей (уже с мутациями) в Германии в среднем 18%, но в некоторых районах достигает трети. Большинство остального населения Германии имеют «прибалтийскую» гаплогруппу I1 (24%) и «западноевропейскую» R1b (39%). Кстати, название «прибалтийская» гаплогруппа I1 здесь совершенно условно, и появилось оттого, что в настоящее время ее носители живут в значительной степени на севере Европы. На самом деле это общеевропейская гаплогруппа, ее гаплотипы практически одинаковы от Британских островов до Восточной Европы, и все имеют одного общего предка, который жил примерно 3600 лет назад. Никакого предпочтения в этом отношении Прибалтике нет.

Надо сказать, что самый древний ископаемый гаплотип группы R1a на территории Германии датируется точно теми же 4600 лет, что рассчитаны летом 2008 года по гаплотипам. А результаты по ископаемым гаплотипам с той же датировкой опубликованы осенью того же, 2008 года. И сами ископаемые гаплотипы точно такие же (только определяли первые 12 маркеров, и то не полностью, что показаны выше). А носители тех гаплотипов были умерщвлены — вплоть до детей — врагами, в селении. Видимо, тяжелые времена для R1a в Европе уже начались.

Норвегия — такой же гаплотип, предок на территории современной Норвегии датируется 4300 лет назад. Это, видимо, уже территория Русской равнины, к востоку от Карпат. Вернулись в Норвегию уже намного позже, в 1-м тыс. до н.э. В Норвегии доля R1a сейчас в среднем — от 18% до 25% населения. В основном — «балтийская» I1 (41%) и западноевропейская R1b (28%) гаплогруппы.

Поскольку у всех прочих европейцев рода R1a гаплотип первопредка на соответствующих территориях такой же, то не буду это больше и упоминать. Буду только указывать, когда первопредок, он же потомок балканских R1a, жил.

Но сказать «потомок балканских» — это не совсем точно. Дело в том, что примерно 4500 лет назад носителей гаплогруппы R1a в Европе практически не осталось, они или погибли, или бежали на Русскую равнину. Поэтому общий предок всех европейских гаплотипов и датируется примерно 4900 лет назад, и после этого гаплотипы в Европе «обнулились». Это по-научному называется «популяция прошла бутылочное горлышко». Можно назвать — эффект «последнего из могикан». Если этот последний из могикан выживет — то станет по сути дела, основателем «новой» генеалогической линии, поскольку подсчет пойдет уже от него. Это, конечно, при условии, что от него будет мужское потомство, и оно выживет и приумножится. Потому и «бутылочное горлышко». Это произошло или на подходе к Русской равнине, либо на самой Равнине. В Европу R1a вернулись с Русской равнины уже только в 1 тысячелетии до нашей эры, и продолжалось это в ходе всего 1 тыс. до н.э. — 1 тыс. нашей эры. Поэтому европейские R1a в подавляющем большинстве — с Русской равнины. И гаплотипы у всех похожие, хотя и разошлись с тех времен почти на 40 ветвей.

Потому-то я и пишу здесь, что R1a по всей Европе — праславянские, потомки праславянских общих предков.

А вот почему носители гаплогруппы R1a в Европе почти все или погибли, или бежали на Русскую равнину во временном диапазоне 4500—4800 лет назад — это отдельная история. Ее сейчас мы касаться не будем, да и много в ней пока белых пятен. Хотя соображения есть. Потом к этому вопросу подойдем.

Возвращаемся к европейским R1a. Швеция — 4250 лет назад, опять, скорее всего, Русская равнина. Всего среди современных шведов 17% потомков праславян, рода R1a. В основном — «балтийская» I1 (48%) и «западноевропейская» R1b (22%) гаплогруппы. Поскольку я выше дал определение «бутылочного горлышка популяции», то уже понятно, что примерно 3600 лет назад общеевропейская гаплогруппа I1 прошло то самое бутылочное горлышко, немногие вы-

жившие бежали на север Европы, в Прибалтику, подальше от Центральной Европы, и там, на севере, приумножились. Вот и оказались «балтийской» гаплогруппой. Отсюда видно, что все эти географические названия гаплогрупп весьма зыбки, они отражают, как правило, только современное распределение гаплогрупп, и об их действительном происхождении почти ничего не говорят. Считайте, что это жаргон.

Перейдем к Атлантике, на Британские острова. Здесь — целая группа территорий, на которых издавна живут потомки ариев, R1a, причем опять с Русской равнины. Они численно отнюдь не доминируют по сравнению с другим родом, R1b, представители которого пришли туда около 4000 лет назад. Но и их, потомков древних ариев, на островах не так мало.

В Англии общий предок современных носителей R1a датируется 4600 лет назад, как и в Германии. Но в Англии и вообще на британских островах потомков праславян относительно мало, от 2% до 9% по всем островам. Там полностью доминируют западноевропейская R1b (до 92% по территориям) и «балтийская» I1 (16%) гаплогруппы.

В Ирландии — 4200 лет назад. Сейчас в Ирландии представителей гаплогруппы R1a немного, не более 2—4% населения. Там — до 90% западноевропейской гаплогруппы R1b.

На освоение северной, холодной и горной Шотландии понадобилось время. Общий предок тамошнего филиала рода R1a датируется 4300 лет назад, но пришел, скорее всего, с викингами, относительно недавно. В Шотландии потомки праславян по численности снижаются с севера на юг. На севере, на Шетландских островах, их 27%, и эта численность падает до 2—5% на юге страны. В среднем, по всей стране их около 6%. Остальные — от двух третей до трех четвертей — имеют западноевропейскую гаплогруппу R1b.

Начнем двигаться на восток. Польша, общий предок R1a жил 4600 лет назад. У русско-украинских гаплотипов — 4900 лет назад, что практически совпадает в пределах точности расчетов. Да и даже если есть несколько поколений расчетных различий — это не разница для таких сроков. В современной Польше потомков праславян в среднем 50%, а в некоторых районах — до 55%. Остальные имеют в основном западноевропейскую R1b (12%) и «балтийскую» I1 (17%) гаплогруппы.

В Чехии и Словакии общий праславянский предок датируется 4200 лет назад, мигранты с востока, с Русской равнины. Не намного меньше, чем у русских и украинцев. То есть речь идет о расселении на территориях современных Польши, Чехии, Словакии, Украины, Белоруссии, России — все в пределах буквально нескольких поколений, но в основном 1 тыс. до н.э., вплоть до 1 тыс. нашей эры.

В Чехии и Словакии потомков праславян рода R1a около 40%. У остальных в основном западноевропейская R1b (22—28%), «балтийская» I1 и «балканская» I2 (в совокупности 18%) гаплогруппы. На территории современной Венгрии общий предок R1a датируется 5000 лет назад. Там сейчас до четверти потомков праславян-R1a. Остальные имеют в основном западноевропейскую R1b (20%) и совокупную «балтийскую» I1 и «балканскую» I2 (суммарно 26%) гаплогруппы. С названием «балканская» — та же история. На самом деле по всей Восточной Европе, от Греции до Прибалтики, гаплотипы группы I2 практически одинаковы, и у всех один общий предок, который жил примерно 2300 лет назад, в конце 1 тысячелетия до н.э. Опять «бутылочное горлышко» популяции.

Носители этих гаплотипов группы I2 стали расходиться, видимо, с Восточных Карпат по всей Восточной Европе, и больше на юг, на Балканы. Поэтому их там максимально количество, сейчас до 40% по всем балканским странам. Но «возраст» — одинаков по всей Восточной Европе. Поэтому название «балканская» идет только от сегодняшней численности. Оно не отражает историю миграций популяции, и тем более историю гаплогруппы I2 до их катастрофы около 5 тысяч лет назад, как показывает анализ гаплотипов.

В общем, ситуация ясна. Добавлю только, что по европейским странам (Исландия, Нидерланды, Дания, Швейцария, Бельгия, Литва, Франция, Италия, Румыния, Албания, Черногория, Словения, Хорватия, Испания, Греция, Болгария, Молдавия) общий предок датируется примерно 4500 лет назад. Если точнее — то 4525 лет назад, но такой точностью я здесь умышленно не оперирую. Это — общий предок рода R1a по всем перечисленным странам, и прибыл он, как показывают многочисленные ветви гаплогруппы R1a в Европе с Русской равнины, с востока. Общеевропейский предок, так сказать, не считая показанного выше балканского региона,

прародины праславян, ариев, «индоевропейцев». Но и в Европе есть ветви, современные гаплотипы которых имеют общих предков 5000—6000 лет назад. Это обычно север Европы, видимо, остатки древних генеалогических линий, бежавших на окраины континента.

Доля потомков праславян-ариев в этих странах варьируется, от 4% в Голландии и Италии (до 19% в Венеции и Калабрии), 10% в Албании, 8—11% в Греции (до 25% в Салониках), 12—15% в Болгарии и Герцеговине, 14—17% в Дании и Сербии, 15—25% в Боснии, Македонии и Швейцарии, 20% в Румынии и Венгрии, 23% в Исландии, 22—39% в Молдавии, 29—34% в Хорватии, 30—37% в Словении (16% в целом по Балканам), ну и заодно — 32—37% в Эстонии, 34—38% в Литве, 41% в Латвии, 40% в Белоруссии, 45—54% на Украине. В России праславян-ариев, как я уже упоминал, в среднем 48%, за счет высокой доли южно-балтийской группы N1c1 на севере России, которых ошибочно называют угро-финнами (или финно-települ), но на юге и в центре России доля восточных славян, потомков ариев, достигает 60—75%.

Гаплотипы предков везде те же самые. Да и почему им быть другими? Род-то один и тот же — R1a. Показательно не то, что предковый гаплотип тот же, показательно то, что он *получается* из гаплотипов современников один и тот же. Это значит, что методология анализа и обработки гаплотипов правильная, статистика достаточная, данные воспроизводимы и надежны. Вот что крайне важно.

Перейдем к соседним с Венгрией Восточным Карпатам. Про них я уже писал. Напомню, что Буковина — это старое название местности на северо-востоке Карпат, на стыке Украины и Румынии, со стороны Украины — Черновицкая область. Город Черновцы и есть исторический центр Буковины. В рамках археологии — часть территории трипольской культуры. Это и есть энеолит.

Вот и нашли мы тех, кто жил там в эпоху энеолита. Научные труды излагают — происхождение трипольской культуры не определено, в основе ее были неолитические племена, то есть племена эпохи позднего каменного века, 5000 лет назад. А ДНК-генеалогия определила. Праславяне там жили. Арии. «Индоевропейцы». Наши предки. Род R1a, к которому относятся до трех четвертей русских людей.

В научной литературе указывается, что ранние жители трипольской культуры, которые жили там 5000 лет назад и ранее, были «выдавлены оттуда миграцией «индоевропейцев» примерно 4000 лет назад. Но мы видим, что это не так. Праславяне — и есть те самые ранние жители.. Они же «индоевропейцы», только тогда никаких «индо» и в помине не было: потомки этих праславян ушли в Индию только через 2500 лет после трипольского периода их жизни. Вот мы и нашли прародину европейских праславян, они же арии. Это — Балканы, Динарские Альпы, дунайский бассейн.

А как же Кавказ, Анатолия, Ближний Восток, Аравийский полуостров как возможные прародины ариев, рода R1a, праславян? Да, давайте посмотрим.

Армения. Возраст общего предка рода R1a — 4400 лет назад.

Малая Азия, Анатолийский полуостров. Исторический перекресток на путях между Ближним Востоком, Европой и Азией. Это был первый или второй кандидат для «индоевропейской прародины». Однако общий предок R1a жил там те же 4500—4000 лет назад. Но это — «индоевропейский» общий предок. А миграционный путь древнейших носителей R1a проходил по Анатолии на запад, в сторону Европы, примерно 10—9 тысяч лет назад. Эту миграцию и уловили лингвисты, поместив в Анатолию протоиндоевропейский язык те же 10—9 тысяч лет назад. Только это не «прародина» индоевропейского языка, это транзит с востока в Европу. И Балканы — не прародина, тоже транзит. И причерноморские степи — не прародина, тоже транзит. Вот и проясняется ситуация с лингвистами, которые никак не могут найти «прародину» индоевропейских языков вот уже двести лет, и просвета нет. Нет, и не может быть «прародины» у языка, который тысячелетиями в подвижках, в эффектах дивергенции и конвергенции, и при этом его носители, в данном случае R1a, как носители праиндоевропейского, а затем и индоевропейского языка, он же арийский язык, прошли длинный путь от Южной Сибири до Европы, от примерно 20 тысяч дет назад до 10—9 тысяч лет назад, и затем около 5 тысяч лет назад ушли на восток и далее — в Зауралье, вплоть до Китая, на юго-восток, в Индию и Иран, на юг — через Кавказ в Месопотамию и далее до Аравии и до Индийского океана.

Возможно, и вымыли в нем сапоги. Так что опять диалектика, развитие по спирали. Итак, и восточные славяне, и армяне гаплогруппы R1a, и анатолийцы — у всех арийский предок или тот же самый, или предки очень близки по времени, в пределах нескольких поколений.

Следует отметить, что 4500—4000 лет назад до общего предка ариев в Анатолии хорошо согласуется со временем появления хеттов в Малой Азии в последней четверти III тысячелетия до н.э., поскольку есть данные, что хетты поднимали восстание против Нарамсина (2236—2200 лет до н.э., то есть за 4244—4208 лет до нашего времени).

Гаплотипы рода R1a на Аравийском полуострове (страны Оманского залива — Катар, Объединенные Арабские Эмираты). И еще — на Крите. Названия этих стран звучат непривычно в отношении рода R1a, но наши предки, или потомки наших предков и там побывали в древние времена, и современные обладатели R1a в тех краях несут их Y-хромосомы.

Возраст общего предка на Аравийском полуострове, определенный по гаплотипам — 4000 лет. Эта дата хорошо согласуется с 4000—4500 годами до общего предка в Армении и Анатолии, если принять за разумный вариант направление потока ариев со Среднерусской равнины через горы Кавказа и далее на юг, в Аравию. Иначе говоря, миграционная волна шла из Европы, сохранила время общего предка на Кавказе и в Малой Азии, и уже на излете дошла до Аравии, сдвинув время общего предка на 400—500 лет. В принципе, гаплотипы рода R1a могли быть занесены в Аравию невольниками, доставленными в те края четыре тысячи лет назад. Но ответить на этот вопрос надлежит уже историкам. В свете же последних данных по гаплотипам R1a у арабов это становится крайне маловероятным. Самые знаменитые и высокопоставленные кланы имеют носителей R1a.

В литературе опубликована серия гаплотипов с острова Крит. Они были собраны у жителей плато Ласити, на котором по легендам спасались их предки во время извержения и взрыва вулкана Санторин 3600 лет назад, и остальные гаплотипы были собраны на примыкающей территории префектуры Гераклион. Расчет времени жизни общего предка на Крите проводился нами несколькими разными способами, но результат один — 4400 лет назад. Уважительные 800 лет до

взрыва вулкана Санторин. Эта величина соответствует средним временам европейского расселения рода R1a.

ДНК наших современников показывают, что самые древние европейские корни ариев, рода R1a, давностью 10—9 тысяч лет, находятся на Балканах — в Сербии, Боснии, Хорватии, Македонии. Через 5000—6000 лет этот род расширится на северо-восток, на Восточные Карпаты, образовав праславянскую трипольскую культуру и положив начало великому переселению народов в IV—III тысячелетии до нашей эры. В те же времена род R1a продвинулся и по южной дуге, и 4300 лет назад — по записям в наших ДНК — появился в Ливане. Прямые потомки тех первых переселенцев живут в Ливане и в наши дни. Среди них, потомков рода ариев — шииты-мусульмане с юга Ливана, сунниты-мусульмане с севера страны и из долины Бекаа, христиане-марониты с ливанского севера, друзы, живущие в ливанских горах.

Как часть этого переселения, вызванного, видимо, развитием сельского хозяйства и переходом к его экстенсивным формам, а также развитием экономики, этот же род R1a продвинулся на запад, до Атлантики и Британских островов, и на север, в Скандинавию. Этот же род пришел на ближний север и восток — на земли современных Польши, Чехии, Словакии, Украины, Литвы, Белоруссии, России, с общим праславянским предком, жившим 4900 лет назад. Этот же предок дал выжившее потомство, живущее в настоящее время по всей Европе, от Исландии до Греции и Кипра, и распространившееся до юга Аравийского полуострова и Оманского залива.

Потомки того же предка, с тем же гаплотипом в ДНК, прошли до южного Урала, построили там городища 4000—3800 лет назад, одно из них (открытое в конце 1980-х годов) получило известность как Аркаим, и под именем ариев ушли в Индию, принеся туда 3500 лет назад свои праславянские гаплотипы. В том же II тысячелетии до нашей эры довольно многочисленная группа рода R1a, тоже называвшая себя ариями, перешла из Средней Азии в Иран. Это — единственная, но значимая связка, позволяющая назвать весь род R1a родом ариев. Она же приводит к тождеству «индоевропейцев», ариев, праславян и рода R1a в рамках ДНК-генеалогии. Она же, эта связка, помещает прародину «индоевропейцев», ариев,

праславян на Балканы. Эта же связка приводит в соответствие место балканской европейской «прародины», поток миграции ариев-праславян, динамическую цепь археологических культур и соответствующий поток индоевропейских языков, и показывает место и время появления частицы «индо-». Только понятие «прародина» здесь — не языковая прародина, а предположительное место прибытия носителей R1a в Европу, и оттуда уже распространения по континенту. Для R1a в более широком смысле это, конечно, не «прародина».

Вообще, поиски «прародин» для миграций и языков в их динамике на протяжении многих тысячелетий и на расстояниях во многие тысячи километров — занятие безнадежное и неперспективное, но почему-то непрекращающееся. Инерция? Правда, многие лингвисты определяют «прародину» индоевропейского языка не как место зарождения языка, но как расхождение его на ветви, и пытаются понять, из какой одной археологической культуры это произошло. Это занятие не менее безнадежное, поскольку расхождение индоевропейского языка, происходило все время на протяжении тех самых 20 тысяч лет существования гаплогруппы R1a, а на самом деле много ранее, опять в динамике языка на протяжении последних 60—55 тысяч лет, со времени появления европеоидов. И не только расхождение — дивергенция, но и слияние — конвергенция, и много других, на первый взгляд беспорядочных, языковых процессов.

Наконец, та же описанная выше связка, позволяющая назвать весь род R1a родом ариев, убедительно показывает, что не праславяне говорили на «индоиранских» языках, а наоборот, потомки праславян принесли свои арийские языки в Индию и Иран, причем времена появления этих языков в Индии и Иране, установленные лингвистами, полностью согласуются со временем прихода туда потомков праславян — временем, записанным в виде мутаций в ДНК наших современников рода R1a. Это — примерно 3500 лет назад, но это времена появления языков в Индии и Иране, сами же языки образовались много ранее, как описано выше. Видимо, расхождение арийского языка на «индоарийский», «иранский», и язык митаннийских ариев, «ближневосточный», произошло при расхождении ариев по этим направлениям с Русской равнины, примерно 4500 лет назад, в середине 3 тыс. до н.э. Но мигра-

ционные потоки (или военные экспедиции) расходятся довольно быстро, а язык — дело консервативное, поэтому расхождение самих языков можно датировать примерно 4000 лет назад. Ко времени перехода ариев в Индию и на Иранское плато, примерно 3500 лет назад, языки уже достаточно разошлись, чтобы образовать указанные ветви арийского языка.

Но как род R1a попал на Балканы, и откуда? С «прародиной индоевропейцев», которыми оказались арии, они же праславяне, мы разобрались. А где «прародина» «протоиндоевропейцев»? Когда и где зародились ностратические языки, если принять это не всеми принимаемое название? Какой ныне представляется картина потоков, миграций «протоиндоевропейцев», приведших к появлению ариев, праславян на их исторической прародине? Об этом поговорим дальше, в следующей главе.

# Глава 2

# ОТКУДА ПОЯВИЛСЯ РОД R1a И ГДЕ ЕГО «ПРАРОДИНА»?

Для начала заметим, что концепция «прародины» — понятие плавающее. Оно зависит от смысла, которое в это понятие вкладывается. В отношении всего человечества как объединения «человека разумного» прародина остается неопределенной. Для части чернокожих африканцев она, возможно, находится в Африке, но и это фактически постулировано, а не доказано. Тем не менее уже двадцать лет генетики провозглашают свою теорию «выхода из Африки», которая, как становится все более и более ясно, зиждется на совершенно шатких положениях. Одно из них — что якобы показано, что «анатомически современный человек» вышел из Африки примерно 70 тысяч лет назад, и от него произошли все остальные люди на планете, начиная с гаплогруппы В. И это якобы показано «популяционной генетикой». Но потом оказалось, что эту дату никто не считал, да и не мог рассчитать, не было такого расчетного аппарата, к тому же никто не знает, а что можно было закладывать в расчеты. Короче, эта цифра была просто сочинена и далее «зацитирована», «забронзовела», и никому из цитирующих не приходило в голову поинтересоваться, а откуда цифра?

Далее оказалось, что гаплогруппа В из гаплогруппы А никак не могла произойти, между ними дистанция более чем в 100 тысяч лет (см. диаграмму в следующем разделе). Это тоже показывает, что 70 тысяч лет назад никакой предок гаплогруппы В из Африки не выходил, и гаплогруппа В, хоть и ее носители обычно чернокожие, из Африки тоже не выходили. Потом оказалось, что «хромосомный Адам», которого тоже относили к 70 тыс. лет назад, или в крайнем случае к 100—120 тыс. лет назад, хотя к этому тоже никаких расчетов

не было и быть не могло, пока не появилась ДНК-генеалогия несколько лет назад, тоже не мог жить в указанные времена. Два года назад его отодвинули к 140 тыс. лет назад, в прошлом году — к 160 тыс. лет назад, затем к 360 тыс. лет назад, потому что оказалось, что в Африке есть ранее неизвестная ДНК-генеалогическая линия, совершенно удаленная и от африканцев гаплогруппы А и от всех остальных. К сегодняшнему дню найдено уже много разных «гаплогрупп А», которых помещают под один зонтик «гаплогруппы А», хотя они удалены друг от друга больше, чем от них удалены другие гаплогруппы.

Наконец, в прошлом же году выяснилось, что в нас, европеоидах, вообще нет африканских необратимых мутаций гаплогруппы А, как и тех, недавно найденных архаичных гаплогрупп, которые получили временное название гаплогрупп А0, А00 и так далее. Короче, от африканцев мы не происходим. Из Африки наши предки, судя по всему, не выходили. Откуда выходили — пока непонятно, но по совокупности данных получается, что и мы, и африканцы происходим от одного общего предка, который жил не менее 160 тыс. лет назад (и получившего название альфа-гаплогруппы), и это не считая самых архаичных ДНК-линий, которые, похоже, и были настоящими древними африканцами, и жили в Африке как минимум 250—350 тыс. лет назад. Никуда они оттуда не выходили. А носители гаплогрупп А и В пришли туда, в Африку, 100 и 50 тыс. лет назад соответственно, смешались с чернокожими архаичными линиями, и сами стали чернокожими.

Предки же европеоидов появились — по совокупности разных данных — где-то в огромном треугольнике от Западной Европы до Урала, и на юг до Леванта, то есть до Ближнего Востока. Вот такая неопределенность. И появились они примерно 58 тыс. лет назад. 100 тыс. лет, отделяющих их от альфа-гаплогруппы, остаются полной загадкой. Иначе говоря, европеоиды прошли огромное «бутылочное горлышко» популяции, и почти «обнулились» перед тем, как опять стали размножаться 58 тысяч лет назад. Что случилось до того — никто не знает. Возможно, какой-то гигантский катаклизм, который не затронул только Африку, или затронул, но в несравненно более щадящей форме. Один из подходящих кандидатов на

причину такого катаклизма — вулкан Тоба в Индонезии, с его чудовищным по масштабу извержением примерно 70 тыс. лет назад. Не исключены и столкновение с космическими телами, такими, как Ладожский метеорит, падение которого, по оценкам, сопровождалось гигантской вспышкой света и выбросом огромного количества пепла, что привело к «ядерной зиме палеолита». В общем, мы пока не знаем.

Но характерно то, что популяционные генетики сделали вид, что никаких сомнений в отношении «выхода из Африки» нет, продолжают цитировать датировку этого «выхода» в 70 тысяч лет назад, и обычно начинают статьи словами «как известно, анатомически современный человек вышел из Африки». Это для попгенетиков — нормальное дело. Более того, придумали гипотезы, как наши якобы чернокожие предки побелели в ходе миграции, чтобы получать витамин D и избежать рахита. Гипотеза остроумная, но при этом те, кто ее цитируют, не упоминают (а возможно и не знают), что экспериментально ее никто и никогда не подтверждал. Более того, наш племянник неандерталец чернокожим вообще не был, так что ему и белеть не нужно было. Откуда же он взялся? Выходит, не из Африки. А почему мы, его племянники, непременно из Африки? Об этом «академические ученые» — ни слова, неудобная тема, лучше об этом вообще не говорить. К сожалению, это стало стандартным стилем «популяционных генетиков»: то, что не стыкуется, лучше не упоминать, альтернативных гипотез не выдвигать, соответствующие статьи в «академические» журналы не принимать, как «маргинальные теории», и рецензентам их не обсуждать. Поэтому рецензенты пишут обычно коротко: «нэ трэба», на каком бы языке они не писали. Они сами, конечно, mainstream, то есть «основное направление».

Так что мы не будем здесь говорить об Африке как прародине современного человека, и тем более как прародине славян, или ариев, или «индоевропейцев». Я здесь (и везде по тексту) принимаю понятия «арии» и «индоевропейцы» как синонимы по отношению к праславянам, и вообще пишу этот устаревший термин «индоевропейцы» только потому, что многие к нему привыкли. Синонимы — потому что именно арии связали понятия европейцев и «индо».

Однако понятие «индоевропейцы» или даже «протоиндоевропейцы» употребляется и в общем смысле, как предки людей, чьи потомки образовали род ариев, потомки которых впоследствии пришли в Индию и Иран, что и сделало возможным саму концепцию «индоевропейских языков».

Поэтому «прародина» в отношении славян, ариев и индоевропейцев — это та территория, где начали формироваться устойчивые ДНК-генеалогические связи с современными славянами, связи, которые могут быть выявлены, идентифицированы, и отнесены именно к славянам, как потомкам ариев, «индоевропейцев» и «протоиндоевропейцев». То есть, в основном, носителей гаплогруппы R1a.

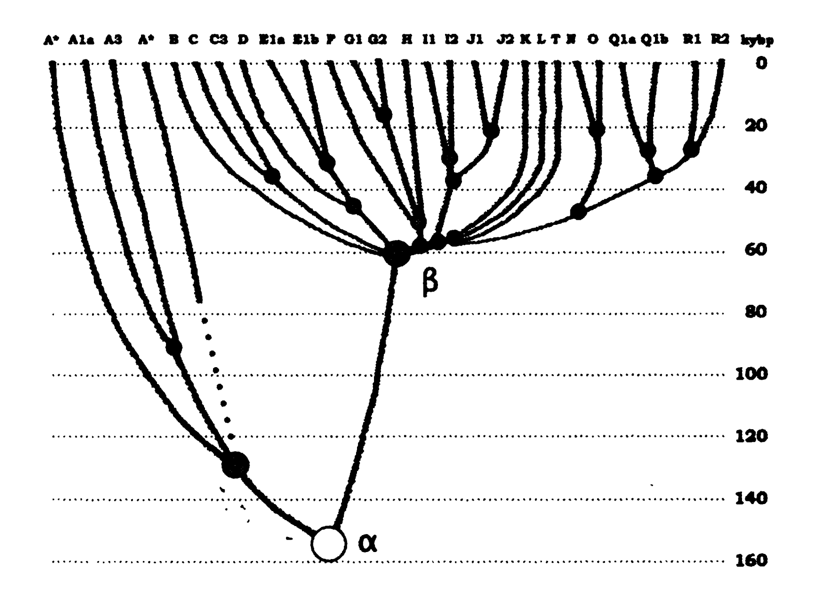
Когда и как это происходило? Давайте рассмотрим весь путь, начиная с появления европеоидов, и поместим «протоиндоевропейцев», «индоевропейцев», ариев и праславян в единые рамки, в единую систему

### *Появление «анатомически современного человека», затем европеоидов, миграции в Центральную Европу (гаплогруппа IJ) и в Южную Сибирь (гаплогруппы K → NO+P). Начало — 58 тысяч лет назад, перевал — 20 тысяч лет назад с образованием гаплогруппы R1a*

Описание происхождения современного человека в рамках эволюции его основных гаплогрупп, в общих словах обрисованное в предыдущем разделе, дано на следующем рисунке. Это описание — одно из важнейших достижений ДНК-генеалогии последнего времени.

Мы видим, как от альфа-гаплогруппы расходятся африканские линии, в нижней левой части диаграммы, и неафриканские линии, которые стали расходиться примерно 60 тыс. лет назад, после прохождения «бутылочного горлышка» популяции. Древнейшие костные остатки анатомически современного человека, в другой терминологии Homo sapiens, в Европе найдены с датировкой 45 тыс. лет назад. И то это данные последних двух лет, до этого датировки европейских скелетных находок были 43—40 тыс. лет назад. В этот же ма-

лый диапазон попадают и костные находки Homo sapiens в Костенках, недалеко от Воронежа. Датировки стоянки — 50 тыс. лет назад, но когда нет костей, то никто не знает, кто там на самом деле был — может, неандерталец за тысячелетия до появления там Homo sapiens. Поэтому датировки стоянок в «зачет» не идут.




Дерево гаплогрупп Y-хромосомы человека. Для построения дерева использовали 7415 гаплотипов 17 основных гаплогрупп и их 46 подгрупп. По вертикали — тысячи лет вглубь от настоящего времени. Здесь альфа-гаплогруппа — предковая для африканцев и не африканцев, не считая особенно архаичных африканских ДНК-линий. Бета-гаплогруппа — идентичная со сводной гаплогруппой ВТ по современной классификации. Гаплогруппа А (точнее, букет гаплогрупп А) появилась примерно 132 тыс. лет назад. Гаплогруппы F до R, включая T, представляют европеоидов, и они появились ~ 58 тыс. лет назад. Показаны также монголоидная и австронезийская (аустрическая, малайско-полинезийская, австралийская) гаплогруппа С, ближневосточная или североафриканская (в древности) гаплогруппы DE и Е

Так вот, примерно 60 тыс. лет назад вдруг появилась бета-гаплогруппа, то есть сводная гаплогруппа BT, из которой впоследствии образовались все гаплогруппы, от В до Т, и в каждой гаплогруппе, то есть в ДНК каждого мужчины на планете, кроме «исходных», «коренных» африканцев, была характерная мутация бета-гаплогруппы.

На самом деле этих мутаций в гаплогруппе BT найдено уже около тридцати, и каждая из этих них есть у каждого неафриканца, а также у тех африканцев, которые пришли в Африку позже, уже будучи носителями неафриканских мутаций. Каждую из этих необратимых мутаций обозначают комбинацией букв и цифр, и вот какие мутации, идентифицирующие бета-гаплогруппу, есть у всех нас, читателей этой книги (я не обольщаюсь мыслью, что эту книгу будут читать африканцы в джунглях, у которых этих мутаций, скорее всего, нет): L413, L418, L438, L440, L604, L957, L962, L969, L970, L971, L977, M42, M91, M94, M139, M299, P97, PK1, SRY1532.1,SRY10831.1, V29, V31, V59, V64, V187, V202, V235. Самая «классическая» здесь — мутация M91, потому что она была первой и самой известной. А остальные образовались не сразу, некоторые явно на тысячелетия раньше M91, некоторые на тысячелетия позже. Известно только то, что они в нас есть.

Гаплогруппа В вскоре мигрировала в Африку. Их вообще могло быть несколько человек, или несколько десятков, или сотен, мы не знаем. Там они смешались с исходным чернокожим африканским населением, и сами стали чернокожими. И кто бы туда, в Африку, в древности не приходил, тоже через несколько поколений становились чернокожими. Известен занятный случай, как группа носителей гаплогруппы R1b отклонилась от миграционного маршрута на запад по африканскому средиземноморскому побережью, и ушла на юг. Возможно, просто дезертировали, выбрали Африку, чтобы не стать испанцами, французами, англичанами. Было это примерно 5000 лет назад. Сейчас их потомки живут в большом количестве в Камеруне и Чаде, и от африканцев их не отличить (см. фото на следующей странице).

И пошло «почкование» гаплогрупп, производных бета-гаплогруппы. От нее первыми отошли упомянутая выше гаплогруппа В и сводная гаплогруппа CT. «Отошли» — здесь

имеется в виду, что у гаплогруппы B появились необратимые мутации, которых нет ни у бета-гаплогруппы, ни у братской CT. И напротив, у CT появились мутации, которых нет ни у бета-гаплогруппы, ни у гаплогруппы B. И пошло ветвиться дерево гаплогрупп. От CT отошла сводная группа DE (которая далее расщепилась на D и E) и CF, CF разошлась на C и F. И весь этот калейдоскоп — в течение всего нескольких тысячелетий. Хотя, впрочем, это не совсем так. Это исследователи-филогенетики так раздробили. Помните, в гаплогруппе BT почти тридцать мутаций, и все относятся к BT? Так могли бы и на тридцать ветвей раздробить, и у каждой своя буква алфавита. Иначе говоря, сама картина объективна, но дробить по ветвям — уже произвол, хотя и вынужденный. Поэтому сейчас в филогенетическое дерево постоянно вносятся коррективы, и в общей картине буквально каждые две недели что-то переименовывается.



**Представители африканской народности (Камерун), доля гаплогруппы R1b среди мужчин 95%**

F — это первая сводная европеоидная гаплогруппа. Она образовалась примерно 58 тыс. лет назад, как показано на диаграмме выше. Из нее вышли три гаплогруппы — G, H и сводная IJK. Гаплогруппа G разошлась между Ираном и Европой, через Месопотамию, и оттуда заняла большие терри-

тории Кавказа. Гаплогруппа H ушла в Индию, и в Европе это в основном цыгане, вышедшие из Индии около 1000 лет назад. Сводная гаплогруппа IJK дала три крупные популяции, разошедшиеся по трем сторонам света: это общеевропейская гаплогруппа I (I1+I2), ближневосточная и средиземноморская гаплогруппа J (J1 + J2), и сводная гаплогруппа K, дочерние гаплогруппы которой ушли на восток, в Южную Сибирь, что есть часть Центральной Азии. Похоже, что гаплогруппа I или ее предковая гаплогруппа IJ, уйдя в Европу, возможно, с Русской равнины, стали кроманьонцами, граветтами, и прочими древними европейцами. Возможно, это они, носители гаплогруппы I, оказались впоследствии свидетелями исчезновения неандертальцев из Европы. Возможно, и не только свидетелями, но и участниками, но прямых данных на этот счет нет. Видимо, это они, носители гаплогруппы I, рисовали картины животных на стенах пещер в Южной Франции и Испании. Попытки вычислить время жизни общих предков современных носителей гаплогруппы I и ее подгрупп дают времена, уходящие глубже 30 тысяч лет.

Гаплогруппы, ушедшие на восток, возможно, опять же с Русской равнины, включали сводную гаплогруппу NO, в которой формировались будущие алтайские, уральские и затем финно-угорские языки (гаплогруппа N), в также сино-тибетские языки и прочие языки Юго-восточной Азии (гаплогруппа O), и гаплогруппу P, которая вскоре разошлась на гаплогруппы Q и R. Гаплогруппа Q дала в значительной степени монгольские и сибирские народы, и ее носители не менее 30 тысяч лет назад ушли на север и далее через Берингов перешеек, который тогда был сухим, в Америку и стали американскими индейцами обеих Америк, Северной и Южной. Вот откуда знаменитые ныне индейцы племени майя, их предки — выходцы из сибирских народов. А гаплогруппа R (характерная мутация M207) около 30 тыс. лет назад добавила мутацию M173 и стала гаплогруппой R1, примерно 20 тыс. лет назад разошлась на гаплогруппы R1a (мутация L62) и R1b (мутация M343).

Носители гаплогруппы P и ее потомки R и Q остались в основном европеоидами, и носители дочерних гаплогрупп R1a и R1b совершили исторический миграционный переход на запад, и в итоге заселили Западную и Восточную Европу.

## *История миграций гаплогруппы R1a от 20000 до 3500 лет назад*

Вот так, 20 тысяч лет назад в Южной Сибири, видимо, на Алтае, образовалась гаплогруппа R1a, род R1a, которому было суждено стать в будущем родом ариев, а потом и славянским родом R1a, к которому ныне принадлежат в среднем половина этнических русских, а по иным (южным) областям Российской Федерации — не менее двух третей.

То, что бегло описано выше, представляет просто кладезь первичной информации для лингвистов, археологов, антропологов, этнографов. Уже высвечиваются контуры ответов на старые вопросы языкознания, поскольку уже становится ясно, в чем причина языковой переклички, скажем, алтайских, уральских (и далее финно-угорских) языков с сино-тибетскими, северокавказскими, баскскими, индоевропейскими языками, языками американских индейцев, и многими другими. Потому что это названия языков по ходу миграционных путей перечисленных и других гаплогрупп, многие из которых взяли начало из алтайского региона, а точнее, продолжили свой путь, замкнув петлю колоссальной по продолжительности миграции, возможно, из Европы или с Русской равнины около 60 тыс. лет назад, прибыв в Южную Сибирь примерно 40 тыс. лет назад, и оттуда, возможно, из алтайского региона, разойдясь по всем направлениям, продолжая заселять нашу планету. Называть эти древние языки можно ностратическими, бореальными, или придумать любое другое название, но они уходят в глубины времен более чем на 60 тыс. лет назад, и с тех пор их развитие, ветвление, дивергенция и конвергенция никогда не прекращались. Искать там языковую «прародину» довольно бессмысленно, можно только выхватывать отдельные «сегменты» и присваивать им названия. Ясно, что ограничивать, например, «ностратический язык» последними 13—15 тыс. лет — совершенно некорректно, если только не вводить определенные характеристики для выхваченного языкового сегмента, которые четко показывают, почему именно здесь проводится разграничение с более ранним языковым периодом. А сделать это пока невозможно, нет такой методологии в лингвистике.

Итак, 20 тыс. лет назад образовалась гаплогруппа R1a. Все наши современники, выявленные ДНК-тестированием как носители гаплогруппы R1a, как раз и тестируются на характерные мутации этой гаплогруппы. И когда мы видим, что древнейшие гаплотипы этой гаплогруппы, взятые у современного населения Монголии, Северного Китая, или алтайского региона, имеют такой разброс по мутациям, что дают датировку 20 тысяч лет назад, то ясно, что где-то там и была «прародина» гаплогруппы R1a. Здесь понятие «прародины» уже уместно, потому что начало гаплогруппы имеет четкое событие — возникновение характерной мутации в Y-хромосоме.

Мы пока не знаем, когда носители гаплогруппы R1a пошли на запад, через Тибет. Но мы знаем, что на территории Индостана датировка старейших гаплотипов R1a дает уже 12 тыс. лет; на территории Ирана и Анатолии, и вообще в Передней Азии и на островах Индийского океана — примерно 10 тыс. лет, и этими же 10—9 тыс. лет датируются древнейшие археологические признаки в Анатолии, на территории современной Турции. Мы знаем, что древнейшие гаплотипы R1a в Европе датируются 10—9 тыс. лет назад. Мы в значительно бóльших деталях знаем, что гаплогруппа R1a появилась на Русской равнине примерно 4900 лет назад, что ископаемые гаплотипы R1a обнаружены в Германии, и их гаплотипы такие же, как у современных этнических русских. Мы знаем, что в состав гаплогруппы R1a в современной Европе и на Русской равнине входят около сорока ветвей гаплогруппы R1a, мы знаем датировки общих предков каждой ветви, и каждая ветвь картирована на европейском континенте.

Таким образом, как отмечено выше, носители братских гаплогрупп R1a и R1b совершили исторический миграционный переход на запад, и в итоге заселили Западную и Восточную Европу. Шли они разными путями. Гаплогруппа R1a, как описано выше, шла по южной дуге — через Тибет, Индостан, Афганистан, Иранское плато, Анатолию и далее остальную часть Малой Азии, и вышла на Балканы примерно 10—9 тыс. лет назад. Судя по всему, они были носителями праиндоевропейского языка, по современной классификации лингвистов. Или, говоря прямо, арийского языка. Можно

назвать его и пра-арийским, это сути дела не изменит. Анатолию они прошли на запад примерно 10—9 тыс. лет назад. Именно туда, в район озер Ван и Урмия, в 100—150 км южнее границы бывшего СССР, и помещает крупная школа лингвистов «прародину индоевропейцев». Датируют ее примерно 11—9 тыс. лет назад, так что сходится. Конечно, это не было «прародиной», это был отрезок продолжающегося миграционного пути. Просто там лингвисты этот язык обнаружили в его древнейшем виде. Во всяком случае, в ставшем классическим труде «Индоевропейский язык и индоевропейцы» (1984) авторы, Т.В. Гамкрелидзе и В.В. Иванов, определяют время распада «индоевропейского праязыка» «не позднее IV тысячелетия до нашей эры, а возможно и значительно ранее». Лингвисты-глоттохронологи помещают этот языковый распад, как уже отмечалось, в период 11—9 тыс. лет назад.

Наконец, гаплогруппа R1b совершила миграционный бросок длиной в 10 тыс. лет от того же алтайского региона, как и братская гаплогруппа R1a, но шла по северной дуге, через Центральную Азию, Северный Казахстан, Южный Урал, среднюю Волгу и Русскую равнину, далее на юг, через Кавказ опять же в Анатолию, но примерно 6 тысяч лет назад, и оттуда двумя основными маршрутами перешла в Европу — один путь вел через Малую Азию на Апеннины и Балканы, другой — через Ближний Восток, и, возможно, Междуречье, принеся туда шумеров, и далее по Северной Африке до Атлантики и через Гибралтар на Пиренеи и далее на север, в континентальную Европу, около 5 тысяч лет назад. Это — археологическая «культура колоколовидных кубков».

Не исключено, что именно эрбины, носители гаплогруппы R1b, представители культуры колоколовидных кубков, вытеснили будущих ариев из Европы на Русскую равнину. И это вытеснение не было мирным. 5 тысяч лет назад практически все рода-гаплогруппы «Старой Европы» из Европы исчезли — частью погибли, а части удалось бежать на Британские острова, в Малую Азию, на Русскую равнину. Эту равнину носители гаплогруппы R1a пересекли — как исторические арии — и примерно 4500 лет назад разошлись по нескольким основным направлениям, как описано в предыдущей главе — на восток, до Южного Урала и далее вплоть

до Алтая и Китая (4000—3000 лет назад); в Индию и Иран (примерно 3500 лет назад); через Кавказ и далее в Месопотамию и на Аравийский полуостров (4000—3600 лет назад). Мы знаем, что R1a — носители прото-, пра-, и индоевропейских языков, которые были зафиксированы 10—9 тыс. лет назад в Анатолии, что совпадает с данными ДНК-генеалогии, и принесены в Индию примерно 3500 лет назад, опять же в соответствии с данными ДНК-генеалогии.

Этап после 5 тыс. лет назад — чрезвычайно важный для будущих европейцев вообще, и ариев в частности. В ходе его произошло разделение родов на западно- и восточноевропейские, на роды арийский и эрбинов, носителей гаплогруппы R1b. Произошло выделение родов будущих славян, носителей гаплогрупп R1a, I1—I2, N1c1, которые составляют сейчас 85% этнических русских.

Часть носителей R1b осталась в Азии, и продолжает нести эту гаплогруппу и сейчас. Многие из них говорят на тюркских языках, и, возможно, не случайно. Остальные ушли на Кавказ и в Восточную Европу, и примерно в то же время в Западную Европу. С Пиренеев в континентальную Европу 4800 лет назад выдвинулась так называемая «культура колоколовидных кубков», и заселила Европу в последующие две тысячи лет. Поначалу они говорили на неиндоевропейских языках, но к 1 тысячелетию до н.э. перешли на индоевропейские языки, видимо, переняв их от носителей R1a. Типичные представители гаплогруппы R1b — кельты, но с ними большая путаница. Это сейчас — языковое понятие, и носители этих языков почти исключительно жители Британских островов, имеют гаплогруппу R1b. Но кельтский язык — индоевропейский, в то время как эрбины до 1 тыс. до н.э. говорили на неиндоевропейских языках. Таким образом, получается, что первые кельты в первой половине 1 тыс. до н.э. говорили на индоевропейских языках, а окружающие эрбины — на неиндоевропейских. Так кто же тогда были кельты по своей гаплогруппе?

Ответ напрашивается совершенно очевидный — первые кельты были носителями гаплогруппы R1a, и мигрировали с востока, фактически будучи праславянами. А далее, всего за несколько веков, индоевропейский, арийский язык кельтов,

который, разумеется, уже сильно изменился в своей динамике за две тысячи лет со времен арийских миграций середины 3 тыс. до н.э., распространился среди эрбинов Европы. Карты показывают, как культура и язык кельтов продвигались по Европе как лесной пожар. Вот так неиндоевропейский язык носителей R1b в Европе стал индоевропейским. А в лингвистике эта загадка так и остается нерешенной. Кто практически без всяких оснований наделяет индоевропейским языком носителей культуры колоколовидных кубков аж на Пиренеях, 4800 лет назад, нисколько не задумываясь, откуда он у них там взялся, кто считает этот вопрос нерешаемым на современном этапе. А к решению опять ведет ДНК-генеалогия.

Кстати, кельтские языки — имя собирательное и впервые примененное в его современном значении не так давно, в начале XVIII века, Эдвардом Лайдом, директором Ашмолеанского музея в Оксфорде. Путешествуя по делам музея, он обратил внимание на сходство языков уэльсцев, корнишей, бретонцев, ирландцев, шотландских галлов, и древних галльских языков. Он и объединил эти языки под общим, придуманным им именем «кельтских» языков. Хотя само имя «кельты» упоминал еще Юлий Цезарь в книге «Записки о галльской войне», как синоним галлов.

Но вернемся к группе R1b. Нашего, славянского предка в той группе не было — ни с теми, кто остался в Азии, ни с теми, кто ушел на Кавказ или в Западную Европу. Наш славянский предок отделился от них раньше, пронес гаплогруппу R1a в Европу, и, как было рассказано выше, поселился 10—9 тыс. лет назад на Балканах. Мутация рода, L62, осталась у всех, кто образует род ариев. Иначе говоря, гаплогруппа R1a.

Славян как таковых, как «культурно-исторического общества», тогда, 10 тыс. лет назад, конечно, не было, но мы прямые потомки тех, кто пришли на Балканы в те времена.

Назвать их «индоевропейцами», строго говоря, тоже нельзя, потому что никакой Индии тогда в их истории не было. Язык, на котором они говорили, был арийский, просто по определению. Его при желании можно назвать «протоарийским», или «протоиндоевропейским», принимая во внимание, что через семь тысяч лет потомки этих ариев, кото-

рые тогда будут действительно называть себя ариями, придут в Индию и Иран, принесут свой арийский язык, на нем заговорят Северная Индия и Восточный Иран. А поскольку к тому времени арии уже тысячу — полторы тысячи лет как распространились по всей Европе, как Западной, так и Восточной, то неудивительно, что от Индии до Атлантики три — три с половиной тысячи лет назад стали говорить на сходных наречиях. Арийских.

И тем более неудивительно, что британские лингвисты, прибыв в Индию через три тысячи лет после описанных событий, обнаружили этот факт. И назвали эту группу языков индоевропейской. Это по тем временам, 200 лет назад, было разумно.



Потомок ариев в Индии

Но сейчас уже устарело. Называть-то можно, но надо помнить, что было тому причиной. А вот называть людей, говорящих на этих языках, «индоевропейцами» — это курьез.

Другое направление потока миграции с Балкан — на запад, к Атлантике. Древние сказания ирландских жрецов, друидов, и выработанные ими правила поведения поразительно сходятся с такими же правилами древних ариев в Индии. НЕ исключено, что это они, арии, возвели загадочный Стоунхендж, который, как было недавно установлено, представляет собой монументальное кладбище, где на 7-метровых каменных колоннах (некоторые до 8—9 метров и весом до 40 тонн), покоятся 4—6-метровые каменные параллелепипеды толщиной более метра и весом 15—16 тонн каждый. Эти монументы воздвигались на протяжении почти тысячелетия, и радиоуглеродная датировка их дала сроки возведения по разным захоронениям от 4500 до 3600 лет назад. Это сходится с предполагаемыми сроками прибытия ариев на Британские острова.

На Русской равнине поток ариев, носителей гаплогруппы R1a, и, как было недавно установлено, в основном подгруппы R1a—L342, которая и дошла до Индии, Ирана, Ближнего Востока, и вбросила эту мутацию в среду будущих евреев на Ближнем Востоке (около 10% евреев-ашкенази и сейчас имеют эту древнюю мутацию R1a—L342), активно продвинулся с берегов Дуная в южные степи Украины и России. Этот поток ариев основал по ходу движения, между Днепром и Урал-рекой и далее на восток, много археологических культур. Это произошло в последующую тысячу лет, между 4500 и 3500 лет назад. Продвигаясь от Причерноморья на восток, наши предки основали андроновскую культуру, выйдя в Северный Казахстан и на Южный Урал, и далее в азиатские просторы. В результате целый ряд среднеазиатских народов в значительной степени относится к роду R1a, арийскому роду. Значительная доля таджиков (64%), киргизов (63%), узбеков (32%), уйгуров (22%), хакасов (енисейских киргизов, они же по некоторым данным усуни, гэгуни и динлины), алтайских народов (50%), и далее ряда народов с переходом в Китай имеют гаплогруппу R1a. Небольшая народность ишкашим в Памирских горах — на две трети R1a. Из этого ясны причины, почему казалось бы столь разные народы, как

таджики, киргизы, русские имеют — по Y-хромосоме — одно и то же происхождение. Все они, те, кто несет гаплогруппу R1a — рода ариев.

В Средней Азии арии, продвигающиеся по южной части маршрута, задержались на 500—800 лет. Эти места были затем описаны в деталях в Авесте, древней книге ариев, написанной уже в Иране, куда арии переместились в середине 2 тысячелетия до нашей эры. В любом случае, гаплотипы иранских R1a имеют точно такой же вид, как гаплотипы R1a этнических русских, с Русской равнины, и датируются 4050 лет назад, то есть на 850 лет моложе общего предкам ариев на Русской равнине.



Девочка из Северной Индии

В те времена, 6—4 тыс. лет назад, было великое переселение народов. Это было не то известное Великое Переселение IV—VII веков нашей эры, при котором происходили крупные этнические перемещения в Европе, и которые привели к распаду Римской империи или стали его результатом. Это было значительно более глобальное Великое Переселение, связанное с распространением новых технологий, сельского хозяйства, конного транспорта, и в итоге привело к созданию семьи индоевропейских языков. Род R1a, арии, праславяне, играли в этом переселении и в его результатах важную роль.

Но вернемся к Южному Уралу, и остановимся подробнее. Там — очень загадочные страницы истории.

Итак, ранний бронзовый век. Арии прибывают на Южный Урал. 3800 лет назад они строят городища Синташту, Аркаим (названия современные), и целую «страну городов». Про эти городища и погребальные курганы в их окрестностях, про архитектуру и занятия их жителей много написано, не будем повторяться. Отметим только, что на черепках посуды в Аркаиме найдены знаки свастики — традиционного «солнечного знака» ариев. Еще в андроновском регионе найдены захоронения, останки которых показали гаплогруппу R1a, род ариев, праславян. Гаплотипы из захоронений тоже праславянские. В том смысле, что у славян, и тех, из захоронений, был один общий предок, рода R1a.

Основная загадка в том, что Аркаим просуществовал всего двести лет. Примерно на рубеже XVI—XVII веков до нашей эры, 3600 лет назад, жители его покидают, забрав имущество и утварь с собой и оставив немного предметов, на порядок меньше, чем обычно находят археологи, и уходят неизвестно куда. Конец истории.

На самом деле, известно куда. Об этом неопровержимо свидетельствует ДНК-генеалогия.

Север Индии — сплошные гаплогруппы R1a. В целом, 16% жителей Индии — носители гаплогруппы R1a. Это — сто миллионов мужчин. До 72% высших каст Индии — носители гаплогруппы R1a. Предковая гаплогруппа индусов — та же самая, как у восточных славян.

Возраст предка этой гаплогруппы в Индии — 3875 лет, в России и Украине — 4900 лет. Арии покинули Аркаим примерно 3600 лет назад.

Достаточно?



Потомок ариев в Индии

Хорошо, вот еще. Арии были моногаплогруппны, практически только R1a. Поэтому в Индию ими и была принесена только R1a. В самой Индии — масса других гаплогрупп, за пределами Индии почти не встречающихся. Если бы это ин-

дийцы принесли свои R1a за пределы Индии, не говоря о Европе, R1a непременно сопровождались бы этими сугубо индийскими, местными, локальными гаплогруппами. А их нет ни в России в целом, ни в Восточной Европе, ни в Западной Европе, кроме разве что у цыган. Ясно, что это гаплогруппа R1a пришла в Индию, а не вышла оттуда. Кстати, при движении на юг Индии возраст гаплогруппы R1a падает. У южноиндийского племени Ченчу предок R1a жил 2900 лет назад. Через 600 лет после прихода ариев в Индию.



Потомок ариев в Индии

Здесь надо упомянуть, что Индия от Южного Урала — это прямой кратчайший переход на юг. Кашмир — практически под Южным Уралом, надо только пересечь Киргизию и Таджикистан. Переходы есть, только на высоте километра-двух. Там вдоль переходов до сих пор стоят развалины древних крепостей, остатки ответвлений Великого Шелкового пути, который был создан через полторы тысячи лет после арийского похода в Индию. Кстати, на одном из этих переходов и находятся поселения маленькой народности ишкашим, мужское население которой — на две трети R1a. Наводит на размышления.

Наконец, вот еще один сильнейший аргумент, что арии, перешедшие в Индию, предки и нас, этнических русских, и индийцев-«индоевропейцев». В процессе наших исследований было обнаружено, что гаплотипы большинства индийцев гаплогруппы R1a, которых в Индии насчитывается не менее 100 миллионов человек, практически идентичны гаплотипам этнических русских той же гаплогруппы. Об этом рассказывалось в предыдущей главе этой книги. Иначе говоря, половина русских и от четверти до трети индийцев — это потомки одного и того же общего предка, который у индийцев, как описано выше, жил примерно 3750 лет назад, и почти тогда же у иранцев той же гаплогруппы R1a.

Итак, арии из Аркаима ушли в Индию примерно 3600 лет назад, покинув городище. Зачем они это сделали? Какая в этом была нужда?

Ответ на это становится ясен, если посмотреть на историю глобальных катастроф. Впрочем, то объяснение, что дается ниже — это просто вариант, гипотеза. Хотя вполне правдоподобная.

3600 лет назад произошло одно из самых больших в истории человечества извержение вулкана Санторин, он же Тера, в Эгейском море. Этот взрыв стер с лица земли минойскую цивилизацию на о. Крит. Вулканический взрыв выбросил в атмосферу 60 кубических километров (!) пепла, что привело к резкому и долгому понижению температуры по всей Земле. Свидетельства этому — кольца деревьев в Европе и Северной Америке. Это — в четыре раза больше пепла, чем при чудовищном взрыве вулкана Кракатау в 1883 году.

В течении долгого времени Солнца практически не было видно. Этот взрыв сопровождался сильными тектоническими подвижками, которые заметно ощущались по всей планете.

Максимально точная датировка извержения, определенная радиоуглеродным методом, дала срок 3615±15 лет назад, по кольцам деревьев — 3628—3629 лет назад, по кернам льда — 3644±20 лет назад. Если все это усреднить, получается 3630 лет назад.

Это, скорее всего, и есть то время, когда арии покинули Аркаим.



Девочка — потомок ариев на востоке Афганистана

Становится ясно, почему арии в индийских ведах уделили столько внимания холодам, отсутствию восходов солнца и долгим ночам. Именно это ввело в заблуждение индийского ученого Тилака в начале прошлого века, который принял эти описания ариев за якобы условия жизни в Арктике. Отсюда и произошла известная, но ошибочная «арктическая» теория появления как ариев, так и всего человечества, о чем будет рассказано в одной из последующих глав этой книги.

Ариям, уделявшим столько внимания размеренной жизни, заданной высшими силами, столько внимания ритуалам, что видно из их системы захоронений, стало некомфортно. Этот в высшей степени дискомфорт они отразили в «Махабхарате» в столь свойственной ариям повествовательной, аллегорической форме. Арии вообще не оставляли исторических документов, они слагали гимны, в которых в иносказательной форме отражали реалии жизни.

Итак, вот что чувствовали арии (книга шестнадцатая «Махабхараты», изд. Наука, 2005): «С наступлением тридцать шестого года (правления)... стали замечать недобрые предзнаменования. Подули резкие ураганные ветры, обрушивая камни вместо дождя, и птицы стали кружить слева направо. Вспять повернули великие реки, мглою заволокло стороны света, с неба на землю падали метеоры, рассыпая дождем раскаленные угли. Солнечный диск затянуло пеленой, и на восходе не было видно его лучей сквозь облака. И у луны, и у солнца появился зловещий трехцветный ореол с резкими черными краями, отливающими красным, точно зола. Эти и многие другие знамения появлялись изо дня в день, предвещая беду и вселяя тревогу в сердце.

...Меж тем вокруг домов... постоянно кружил (бог смерти), причем даже тех, которые крепились... Каждый день налетали страшные ураганы на погибель... заставляя вздыматься от ужаса волоски на теле. На улицах... появились огромной величины крысы, в домах тревожно кричали птицы, и этот крик не смолкал ни днем, ни даже ночью. Журавли подражали уханью сов, а козы — вою шакалов! Белые красноногие птицы, посланцы Времени, бродили вместо голубей в домах. У коров рождались ослята, у мулов — верблюжата, у собак — котята, а у мангуст — крысята... жены обманывали мужей, а мужья — жен. Пылающее светило, обильное сияни-

ем, двигалось по кругу слева направо, испуская по очереди то синие, то кроваво-красные лучи.

...Едва подавали приготовленную на кухне с великим тщанием чистейшую пищу, как в ней заводились черви... слышался топот бегущих, но никого не было видно. Все наблюдали, как планеты снова и снова сталкиваются друг с другом, налетая на созвездия, и людям никак было не отыскать свое собственное, под знаком которого они родились...»



Потомок ариев в Индии

Здесь нет возможности цитировать далее, к тому же далее — сплошные аллегории, включая и следующую книгу «Махабхараты», семнадцатую, с характерным названием «Книга о великом исходе». Здесь обратим внимание на инте-

ресное наблюдение: «Слышался топот бегущих, но никого не было видно». Ну как еще лучше описать подземные тектонические подвижки?

Таковы возможные причины и история перехода ариев в Индию. По мнению некоторых специалистов, уже из Индии часть ариев направилась на запад, в Восточный Иран, и поэтому именно восточно-иранские языки более близки к «индоевропейским». Но скорее всего, основная часть ариев переместилась в Иран непосредственно из Средней Азии, где они жили не менее 500 лет, и отправились в Восточный Иран в середине 2 тысячелетия до нашей эры, примерно 3500 лет назад. Это полностью укладывается в концепцию арийских языков, как она обсуждается в данном повествовании.

Укладывается и то, что основная доля арийской гаплогруппы R1a в Иране находится в Восточном Иране, и составляет примерно 20% от населения Ирана, которое в подавляющем большинстве имеет ближневосточную гаплогруппу J2. Но J2 — это уже результат исламских нашествий в конце 1 тысячелетия нашей эры. На западе Ирана доля арийской гаплогруппы R1a вообще минимальна, и составляет только 3%. Так что все разговоры о «ираноязычных» древних славянах лишены всяких оснований, если за «ираноязычность» принимать фактическую связь с Ираном. Не было значительной прямой связи древних славян с Западным Ираном. Только с Восточным, и с Индией, и то как результаты арийских миграций. Поэтому и западно-иранские языки такие молодые, середина 1 тысячелетия до нашей эры.

Вот так ДНК-генеалогия расставляет по местам и соединяет в единую систему разрозненные и конфликтующие обрывки сведений истории, антропологии, лингвистики, которые, казалось бы, и составляли систему.

* * *

Три положения можно подчеркнуть, исходя из вышесказанного.

Первое — что ДНК-генеалогия начинает служить науке. То, что еще несколько лет назад казалось каким-то развлечением, оказалось, дает истории, антропологии, археологии, лингвистике возможность проверить концепцию, рассмот-

реть данные под принципиально другим углом, связать воедино казалось бы разрозненные части общей картины наших знаний об окружающем мире.

Второе — это исследование позволило решить целый ряд загадок, которые оставались загадками десятки, а порой и сотни лет. И это вовсе не потому, что автор такой знающий, а потому, что к его — и нашим — услугам оказался новый инструмент, ДНК-генеалогия. Оказалось возможным следить за передвижениями народов не с помощью лопаты и кисточки археолога, и не обмеряя черепа, не хитроумно расплетая созвучия и значения слов в живых и мертвых языках, не изучая древние фолианты в библиотеках и монастырях, а просто прослеживая за метками в наших ДНК. Они, эти метки, не могут «ассимилироваться», или «поглотиться» другими языками, культурами или народами, как это происходит тысячелетиями в рамках понятий истории, лингвистики, антропологии. Гаплотипы и гаплогруппы не ассимилируются. Их можно только физически истребить, но такое для всего народа бывает не часто. Гаплогруппы и гаплотипы упрямо пробиваются через любые ассимиляции, через тысячелетия, и не только пробиваются, давая нам знак о своем существовании, но и позволяют рассчитать время, когда жили их предки.

И третье, — автор хотел бы особенно подчеркнуть, что он вовсе не принижает значение археологии, лингвистики, антропологии, и не пытается их заменить. Автор стоит на плечах гигантов в этих и других областях знания. Специалистами в указанных научных дисциплинах проведена совершенно колоссальная работа, без которой выводы настоящего исследования повисли бы в воздухе. Их было бы ни к чему примерить. Главная цель автора — показать возможности методов ДНК-генеалогии специалистам по другим направлениям истории человечества.

В этом рассказе можно было бы посвятить значительную часть интерпретации данных, полученных с помощью ДНК-генеалогии, а именно интерпретации в рамках истории, лингвистики, антропологии, этногеографии. Например, отметить, что данные радиоуглеродного анализа древних стоянок в Европе часто (или обычно) указывают на времена 5800—6000 лет назад, как например 5820±130 лет назад в Польше, 5840±70 лет назад в северо-западной Англии, 5845±100 лет

назад в северо-западной Ирландии по одним данным и 5500 лет назад в Шотландии по другим, и сопоставлять с данными по временам жизни общего предка рода R1a, которые действительно близки приведенным датировкам.

Но тогда надо пускаться в долгие обсуждения калибровок данных радиоуглеродного анализа, погрешности методов ДНК-генеалогии, и того, что стоянки — это одно, а выжившие предки, потомки которых живут в наше время — это несколько другое. Эти даты теоретически могут совпадать, и предки теоретически могли жить на древних стоянках с самого начала их, стоянок, существования, но более вероятно, что выживали и давали выжившее потомство не самые ранние обитатели стоянок. Но если все это обсуждать — это был бы не тот рассказ, и задачи у него были бы другими, и автор, скорее всего, был бы другой. Ясно, что времена жизни древних предков рода R1a примерно совпадают и с датировками соответствующих археологических культур на пути их, рода R1a, миграций, и с радиоуглеродными датировками стоянок, а если эти датировки несколько раньше, то это легко объяснить тем, что далеко не все потенциальные предки выживали.

На самом деле удивительно, что современные потомки рода R1a (а о нем сейчас речь) ведут свои непрерывающиеся ДНК-генеалогические линии со времен древних неолитических, и порой даже палеолитических стоянок, и это можно напрямую видеть по записям в наших Y-хромосомах, гаплотипах, и по картине мутаций в них вычислять времена этих стоянок и времена миграций человеческих потоков.

Конечно, есть соблазн отметить, или даже подчеркнуть, что даты жизни общих предков по всей Европе, найденные в настоящем исследовании с помощью ДНК-генеалогии, приходятся в большинстве своем на 4200—4900 лет назад, то есть на III тысячелетие до н.э., и это поразительно совпадает с данными историков. Как они пишут, именно в это время «закончилась индоевропеизация Центральной Европы земледельческими племенами индоевропейцев». Правда, не «индоевропейцев», а ариев, гаплогруппы R1a. Те, кто пошли на восток, стали праславянами, кто на запад — стали... в общем, у них много названий. Коротко говоря, европейцы.

Что заставило ариев двинуться на новые земли? Что вызвало почти непрекращающийся поток населения на новые

территории? Честно говоря, это тоже не мой вопрос. Я бы предпочел, чтобы профессиональную интерпретацию этих данных делали профессиональные историки, антропологи, лингвисты. Они ответ знают лучше меня. Они пишут, что этот поток был вызван — и в свою очередь вызвал сам — новыми хозяйственными и техническими достижениями, в частности, молочным хозяйством, новой технологией обработки земель, одомашниванием лошади, созданием колесного транспорта. Еще — изменением климата, наступлением «периода определенного понижения температуры и переменного повышения континентальности, наступлением глобальной аридности климата в III тысячелетии до н.э.». Это, в свою очередь, «привело к понижению агроклиматического потенциала и не давало гарантированных урожаев». Но это опять не мой вопрос, не моей профессии. И не ДНК-генеалогии.

Самое главное, что в содружестве с данными лингвистов, археологов, историков в настоящем исследовании оказалось возможным установить, что «прародина индоевропейцев» находилась как в Анатолии, так и на Балканах, так и на Русской равнине, и что в таком контексте понятие «прародины» вообще не нужно. Она растянулась в пространстве и во времени от Центральной Азии через Иран и Малую Азию до Европы, и замкнула кольцо через Русскую равнину — до Индии и Ирана. И все это было на протяжении практически 15 тысяч лет.

Этот же подход позволил довольно детально, по времени и месту, проследить, как шла миграция ариев на Северные и Восточные Карпаты, в места загадочной трипольской культуры, в Центральной Европе, на Британские острова, в Скандинавию, на славянские территории нынешних Венгрии, Чехии, Словакии, Польши, Литвы, Германии, Украины, России, и далее по южным степям Украины и России на Южный Урал и далее в Индию и Иран, и на Ближний Восток, в Ливан, и на Аравийский полуостров, до Оманского залива. Он позволил не без оснований предположить, что именно арии возвели монументы Стоунхенджа. Что это арии возвели городища на Южном Урале, названные сейчас Аркаимом, Синташтой и страной городов.

Этот метод позволил установить, что русские, украинские, белорусские, польские, немецкие славяне имеют общего предка, жившего 4900 лет назад, что этот же славянский

предок является и предком индусов того же рода ариев, которые насчитывают сейчас не менее ста миллионов человек. Индийские потомки продолжили род нашего праславянина, который жил 3750 лет назад, и продолжили этот род вскоре после того, как арии покинули Аркаим и Южный Урал. И мы уже, пожалуй, знаем, почему и когда его покинули.

Этот метод позволил убедительно показать, что не «индоевропейские языки», а арийские, праславянские языки являются первичными. «Индоевропейские языки» — этот эвфемизм возник в свое время от непонимания того, что же связывает санскрит и его варианты, с одной стороны, и европейские языки, с другой. Теперь это стало совершенно ясно. Арийские языки — вот основа и европейских языков, и санскрита, и «индоевропейских» иранских языков. На Днепре, Доне и Урал-реке жили не «ираноязычные народы». Славяне там жили, праславяне, арии, и это был их язык. Это они принесли свой язык в Индию, Иран, Афганистан.

Это — наши прямые предки. И вот теперь мы можем сказать, что мы их не забыли.

* * *

Фотографии выше показывают, как выглядят потомки ариев-праславян в Индии и Пакистане через 3600 лет после их перехода с Южного Урала. Отвлекитесь на время от ленточек, мечей и прочего национального колорита, и представьте эти лица где-нибудь в Ярославле или Краснодаре. Похоже?

# Глава 3

# ХИНДИ-РУСИ БХАЙ-БХАЙ С ТОЧКИ ЗРЕНИЯ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ, или ОТКУДА ПОШЛИ СЛАВЯНЕ

### *О славянах*

Так кто такие славяне, в конце концов? Откуда взялись?

Нет ответа. Не дают современные науки ответа на этот вопрос. Не опускаются ниже IV—VI веков нашей эры, когда, по научным соображениям, славяне уже расселились между Балтийским и Черным морями. В виде, так сказать, этноязыковой общности, которая и сформировалась. Где-то. Когда-то.

Это — «сложный и дискуссионный вопрос», говорят уважаемые ученые, обсуждая родину, или «прародину» славян. Про полян и древлян мы тоже помним из средней школы, но все это опять же вторая половина 1 тысячелетия нашей эры.

А что было раньше?

Ну как же, говорят ученые — в 622 году н.э. в Моравии основано первое славянское государство. Или словенское — а какая разница? В VIII веке славяне заселили Балканы. К тому же в VI—VIII вв. восточные славяне, они же анты, заселили территорию, которая потом получила название Киевской Руси. Ах, это опять нашей эры? Ну, естественно. Может, вы трипольской культурой интересуетесь? Ту, которую открыли в Киевской губернии в 1893 году? Да, 3—4 тысячелетие до нашей эры. Так происхождение той культуры не определено. Откуда пришли и куда делись — неизвестно.

Но почти везде, где обсуждают славян как этноязыковую общность, мелькает слово «индоевропейская». Почему «индо», какая связь с «индо» — особо не поясняется. Вроде и так все понимают:

• «Трипольцы относятся к доиндоевропейскому населению Европы».

• «Германо-балто-славяне — северная группа индоевропейских племен».

• «Славянские языки — ветвь индоевропейской семьи языков».

• «Где находилась прародина славян, то есть где они сложились в самостоятельную этническую группу, отделившись от индоевропейцев — сложный и дискуссионный вопрос».

Хорошо, попробуем если не ответить на этот вопрос, то подтянуть некоторый новый материал для размышлений. Называется — ДНК-генеалогия.

### *Напомним о ДНК-генеалогии*

У каждого из нас «на манжетах ДНК», в негенных областях ДНК, которые иногда называют «никчемные участки ДНК», или даже «мусорные участки ДНК» находится записная книжка человечества. В ней в виде набора особых последовательностей нуклеотидов записана история наших предков на тысячи и десятки тысяч лет назад. Скорее всего, и на миллионы лет назад, но у нас словарный запас маленький, и так глубоко мы читать еще не умеем. Хотя отдельные успешные попытки уже есть, и, например, ДНК-генеалогия в 2012 году уже анализировала по мутациям, когда жил наш общий предок с шимпанзе. Оказалось, что он жил около шести миллионов лет назад.

Эта история в наших ДНК усыпана реперными отметками по шкале времени, и эти отметки, или насечки, даны мутациями в ДНК. Многие из этих мутаций происходят раз в несколько тысяч лет, многие — раз в сотни тысяч лет, некоторые — раз в миллионы лет. Так что привязка истории по времени уже есть, более того, в этих молекулярных часах есть и «секундная» стрелка, и «минутная», и «часовая», и «вековая», и так далее. И все одновременно крутятся на «манжетах ДНК», давая нам возможность заглянуть в историю совершенно в неожиданном ракурсе, немыслимом еще несколько лет назад.

Этот язык «записной книжки» ДНК уже переведен нами в некие символы, и последовательность этих символов называется гаплотипом человека. У каждого — свой гаплотип, который можно назвать индивидуальным «паспортом» каждого человека. Об этом речь идет в каждом рассказе в этой книге, каждый раз немного под другим углом, чтобы было понятнее. Этот паспорт передается по наследству, мужской «паспорт» — мальчикам при рождении, женский «паспорт» — девочкам.

Эти «паспорта», или гаплотипы, не имеют ничего общего с генами, и вообще с генетикой человека. Мутация в генах, не говоря о хромосомных аберрациях, не дает, как правило, ничего хорошего. Или выкидыши, или, если человек родился, наследственные болезни, ранняя смерть. Мутации же в тех самых «генеалогических» гаплотипах организму просто незаметны. Записная книжка.

### *Гаплотипы*

Итак, наследственный ДНК-паспорт у каждого из нас называется гаплотипом. У каждой этнической группы — набор своих гаплотипов. У каждой подгруппы — тоже. У каждой семьи — тоже, у матери и дочерей — свой гаплотип, у отца и сыновей — свой, практически одинаковый. «Практически» — потому что мутации иногда проскакивают и от отца к сыну, но редко, раз в десятки поколений. Чем больше число символов в паспорте — тем выше разрешение, от всего рода, который не надо путать с этносом или «этнической группой» (на самом деле это не этническая группа, это носители одной генеалогической линии, которая может включать тысячи и миллионы человек) и до конкретной прямой родственной линии. Для описания такой группы порой достаточно всего шести символов. Именно такие, 6-маркерные гаплотипы и рассматривали на заре ДНК-генеалогии, всего несколько лет назад. В этом рассказе мы так и оставим, поскольку речь пойдет о принципиальных явлениях, не требующих тонких расчетов. Для тонких расчетов, которые местами описываются в данной книге, мы переходим к 25-маркерным, 37-маркерным, 67-маркерным и 111-маркерным гаплотипам, что описано в первой главе.

Итак, например, для евреев ближневосточного происхождения порой достаточно следующих шести знаков, для так называемого «гаплотипа патриархов», или «гаплотипа двенадцати колен израилевых»:

14-16-23-10-11-12.

Эти знаки соответствуют шести ДНК-маркерам, а сами числа называются аллелями. Они показывают число повторов определенных нуклеотидных последовательностей в каждом маркере. Этот гаплотип имел патриарх евреев, и, согласно Библии, его звали Авраам. За прошедшие 4 тысячи лет вид гаплотипа был в определенной степени изменен мутациями, которые происходят в каждом маркере с определенной вероятностью раз в несколько тысяч лет. А поскольку вероятности мутаций складываются, то весь 6-маркерный гаплотип, пример которого приведен выше, меняется в среднем раз в 114 поколений, то есть примерно раз в 3200 лет в каждой ДНК-генеалогической линии. Можно сказать и по-другому, что гаплотип меняется раз на 114 рождений мальчиков.

В итоге у потомков образуется набор гаплотипов, представляющий в некотором смысле «облако». Например, у 200 евреев, современных потомков Авраама, Исаака и Иакова (или, более обтекаемо, потомков ближневосточных древнееврейских патриархов) обнаруживается «облако» из 47 гаплотипов, в которых первый маркер имеет числа 13, 14 и 15 (мутации исходного 14 в обе стороны), второй — 13, 14, 15, 16 и 17, третий — 22, 23, 24 и 25, четвертый — 9, 10 и 11, пятый и шестой — 11, 12 и 13. Вот так и образуется «облако», группирующееся вокруг «центрального», или «базового» гаплотипа, который или был предковым, или максимально близок к нему.

### *Гаплотипы славян*

У лингвистов «славяне» — это те, кто говорят на языках славянской группы. Но мало ли кто на них говорит... Мы же здесь ведем речь о ДНК-генеалогии, которая далеко не всегда напрямую соотносится с языками. Она — о прямой наследственности в поколениях, в сотнях и тысячах поколений. Кто

тогда славяне? Ясно, что предки современных славян жили с древнейших времен, и мы уже показали в предыдущих рассказах, когда — три, четыре, пять тысяч лет назад, а то и до 20 тыс. лет назад. Это зависит от того, кого называть предком. У каждого из нас ведь тоже есть много прямых предков — и отец, и дедушка, и прадедушка, и так далее, вплоть до общего предка с шимпанзе, 6 миллионов лет назад.

Поэтому в ДНК-генеалогии вместо «предок» обычно говорят «общий предок» определенной популяции. У нас с родным братом общий предок — наш отец. А у меня с племянником общий предок уже наш дедушка. Так вот, у нас, славян гаплогруппы R1a, общий предок жил примерно 4900 лет назад. А если расширять круг носителей гаплогруппы R1a — то возраст общего предка в Европе примерно 10—9 тыс. лет, а если по всему миру — то 20 тыс. лет.

Современная наука не может четко определить, кто такие славяне. По понятиям лингвистов славяне — это те, кто говорит на языках славянской группы, и тогда славяне вообще появились только в середине 1 тысячелетия нашей эры. Но что такое для лингвистов «появились»? Это язык появился, и то в понятиях его современной классификации. А завтра классификация изменится, и что делать будем? Например, по этой лингвистической классификации язык славян и язык ариев относятся к разным категориям, а ДНК-генеалогия показывает, что это одна и та же гаплогруппа, R1a, один род, а значит, какие-то 4500 лет назад, а то и позже, язык у предков славян (гаплогруппы R1a, к которой относится в среднем половина славян) и ариев был один и тот же. Да и сейчас русский язык и санскрит остаются довольно похожими, о чем речь пойдет позже. Значит, можно классифицировать языки по-другому, и это тоже будет правильно.

Это все к тому, что не может одна классификация славян быть единственно правильной. И не язык является единственно правильной классификацией, языки вообще категория нестабильная. Для одних целей работает, для других — нет. В ДНК-генеалогии это вообще не более чем вспомогательный признак. Каждый это понимает, и не случайно на фронте частым приветствием было — «привет, славяне!», и вряд ли это приветствие было строго по лингвистическому признаку. Примем за условное определение славян тех, кто в большин-

стве проживают в старинных русских, украинских, белорусских, польских городах, городках, селениях.

То, что «русские славяне» говорят на русском языке, светловолосы, имеют «славянские черты лица», часто исповедуют православное христианство — совершенно вторично в рамках нашего рассмотрения. Мы ведь идем к истокам славянского этноса, то есть группе родов, существовавшей тысячелетия назад, а все указанные «вторичные» признаки или относительно недавние, или могли быть смазаны генетикой за столетия или тысячелетия смешивания генов в каждом поколении с женами и подругами самого разного этнического происхождения. А гаплотип из мужской Y-хромосомы неистребим при передаче наследственности и не меняется тысячелетиями и десятками тысяч лет, кроме как за счет естественных мутаций. Поэтому гаплотип может быть настоящей «меткой» рода по мужской линии.

Итак, взглянем на гаплотипы мужчин, проживающих в старинных русских селениях и городах.

Три наиболее широко распространенных 6-маркерных гаплотипа у них — следующие (это на языке ДНК-генеалогии маркеры под номерами 19, 388, 390, 391, 392, 393; это — другой порядок маркеров, чем у протяженных гаплотипов, приведенных в предыдущих главах, но это здесь не имеет никакого значения):

16-12-25-11-11-13
16-12-24-11-11-13
16-12-25-10-11-13

На них приходится половина от первых десяти гаплотипов в старинных русских городах. Кстати, второй — это мой гаплотип. Сейчас, когда определены многие тысячи гаплотипов этнических русских, причем гаплотипов протяженных, до 111-маркерного формата, стало ясно, что эти три наиболее распространенных гаплотипа относятся к следующим ветвям гаплогруппы R1a:

— первый гаплотип выше — ветви центральная евразийская; западная евразийская; восточно-карпатская; северо-евразийская; юго-восточная,

— второй гаплотип — подветвь центральной евразийской ветви и подветвь юго-восточной ветви,

— третий гаплотип — западно-карпатская ветвь, балто-карпатская ветвь; центрально-европейская ветвь.

Эти ветви можно далее различить только при добавлении многих других маркеров, тем самым повысив разрешение. Но нам это сейчас не нужно, у нас — другие задачи.

В приложении даны наиболее часто встречающиеся гаплотипы по 26 городам и территориям России, Украины, Белоруссии. Они расходятся по трем основным «славянским» гаплогруппам — R1a, I2 и N1c1, к которым в среднем принадлежат 48%, 15% и 14% славян, соответственно. Это уже 77%, больше трех четвертей российских славян.

Все три верхних, наиболее популярных гаплотипа относятся к гаплогруппе R1a. Условно говоря, восточные славяне. Их предки пришли с востока, обосновались на Балканах, а потом отправились опять на восток, на Русскую равнину и далее, до Ирана и Индии.

Вторая гаплогруппа — I2. Это, условно говоря, южные славяне. Они пришли на Балканы, причем, есть основания полагать, что пришли с Русской равнины еще 40—45 тыс. лет назад, и там, в Европе, и остались до относительно недавнего времени. Далеко на восток они не ходили. Эта гаплогруппа прошла в Европе трагические времена, была на грани выживания, и пошла в рост только 2300 лет назад.

Третья гаплогруппа — северная. Южно-балтийские славяне, которых совершенно неверно порой называют угро-финнами. Часть из них — поморские славяне. Они же уральские, они же алтайские, если уходить на многие тысячелетия вглубь. Относительно небольшая доля славян, около 7%, относится к гаплогруппе I1. Это гаплогруппа общеевропейская, братская гаплогруппе I2, она тоже была почти истреблена 5—4 тыс. лет назад, вместе с братской I2, но выжила, и пошла в рост 3600 лет назад.

### *Сравнение гаплотипов славян с некоторыми другими*

Гаплотипы восточных славян (гаплогруппа R1a) — вполне уникальны среди многих других этнических групп. Евреев мы уже упоминали, их 6-маркерые гаплотипы, показанные выше, имеют в среднем 10 мутаций в сторону по сравнению

с восточными славянами. Это — десятки тысяч лет до общего предка. Формальный подсчет дает примерно 2150 поколений до общего предка, это — 54 тыс. лет назад. Даже близкий родственник, западноевропейский атлантический гаплотип (гаплогруппа R1b)

14-12-24-11-13-13

находится от восточнославянского в пяти шагах мутаций. Это, по формальным расчетам, 32 тыс. лет до общего предка. Собственно, примерно так и показывает дерево гаплогрупп на диаграмме во второй главе. Вообще одна мутация в таком 6-маркерном гаплотипе — это, как показано выше, примерно 3200 лет разницы в истории гаплотипа. А дальше, при двух, трех и более мутациях, рост идет экспоненциально.

Гаплотипы арабов — обычно 9—11 мутаций в сторону от славянских гаплотипов, например:

14-17-23-11-11-12.

Гаплотипы эфиопов — на 7 мутаций в сторону. Пример:

15-12-21-10-11-14.

Гаплотипы армян и турок (по иронии судьбы они у них очень похожи, и не только похожи, они — родственники, одного древнего рода) — 6—9 мутаций в сторону от восточных славян:

14-12-24-11-13-12,
14-15-23-10-11-12.

Гаплотипы китайцев — обычно 7—8 мутаций в сторону, как, например, в гаплотипах

15-12-24-10-14-12,
14-12-23-10-14-13.

Гаплотипы монголов — обычно 8—10 мутаций в сторону, как, например:

13-12-24-10-14-13,

13-12-24-10-14-14,
13-12-23-10-14-13,
13-12-24- 9-14-14.

Гаплотипы японцев — часто 6—7 мутаций в сторону:

15-12-25-10-14-14,
15-12-22-10-13-13.

Гаплотипы американских индейцев — часто 8—9 мутаций в сторону

13-12-23-10-14-13,

при том, что они происходят от гаплотипов сибирских народов.

Собственно, те разные цифры, что здесь приведены, в общем дают одни и те же расстояния от славян, в десятки тысяч лет. Небольшие вариации в этих цифрах обычно сглаживаются при переходе к более протяженным гаплотипам, и в каждом из перечисленных случаев разница в мутациях дает общего предка со славянами на заре человечества, около 60 тысяч лет назад, как показывает диаграмма во второй главе этой книги.

Иначе говоря, совпадение базовых гаплотипов — дело исключительно редкое, и к тому должны быть веские причины. К тому же, все перечисленные выше гаплотипы относятся к другим гаплогруппам — R1b, J, C, O, Q и другим. Восточные славяне, напомню, относятся к гаплогруппе R1a. А гаплогруппа — это не только гаплотипы, но и дополнительные уникальные мутации.

### *Гаплотипы индусов*

Здесь я умышленно называю индийцев индусами, потому что многие индийцы — дравиды, с совершенно другими гаплотипами. А вот у многих индусов гаплотипы именно R1a. В Индии таких примерно 100 миллионов мужчин.

И вот, после рассмотрения того, как различаются гаплотипы у разных народностей и этнических групп, вдруг видим,

что гаплотипы большинства индусов и большинства (восточных) славян практически идентичны!

При рассмотрении 718 гаплотипов пакистанцев (вряд ли стоит напоминать, что Пакистан отделился от Индии совсем недавно, а мы говорим о тысячелетиях) самая большая группа имела следующий гаплотип:

16-12-25-11-11-13.

А какой там был «базовый» у славян?

16-12-25-11-11-13.

Тот же самый.

Если помните, это был первый, самый распространенный на Руси гаплотип из трех приведенных выше. И там были даны названия ветвей этих гаплотипов. Так вот, это — гаплотип юго-восточной ветви. Эта ветвь прошла по Русской равнине и ушла в Индостан. Вот мы и видим ту же ветвь в Пакистане. Оттого она и юго-восточная ветвь. Основная ветвь ариев.

Напомним, что «базовый» — это тот гаплотип, что был у предков тысячелетия назад, а потом у потомков оброс мутациями. Хотя и сам сохранился у многих потомков, немутированный в силу простой вероятности, причем, как правило, в наибольших количествах. Чтобы он весь мутировал, нужно не менее 15—20 тыс. лет. Выходит, что у славян и индусов мог быть общий предок, с тем самым «базовым» гаплотипом,

16-12-25-11-11-13.

Минуточку, между «был» и «мог быть» — большая разница. Не так ли?

Так. И для того, чтобы эту разницу прояснить, и есть гаплогруппы. Гаплогруппа — это знак этнической общности. Это — один клан. Это — один общий предок клана, помеченный специальной единичной мутацией, называемой «снип». И все потомки этого клана несут в своих ДНК эту особую мутацию, независимо от вида гаплотипов. Точнее, гаплотипы — вторичны по отношению к снипу. Снип определяет принадлежность индивидуума к гаплогруппе, гаплоти-

пы эту принадлежность иллюстрируют и детализируют. Гаплотипы и их мутации показывают, как далеко потомок ушел от общего предка, общего с другим сородичем из той же гаплогруппы.

Так вот, и восточные славяне, и индусы, и пакистанцы принадлежат к одной и той же гаплогруппе — R1a. А значит, общий предок у них БЫЛ, а не просто мог быть.

Вот мы его, общего предка, и нашли. По гаплотипам.

Естественно, базовый гаплотип у индусов в Индии и Пакистане, и славян в России, Украине и Белоруссии окружен облаком гаплотипов. И эти гаплотипы поразительно схожи. Ветви одного дерева.

Взглянем на гаплотипы племени пуштунов. Их в тестированной группе 93 человека. У 37 человек гаплотипы следующие:

16-12-24-11-11-13,
15-12-24-11-11-13,
16-12-23-11-11-13,
15-12-25-11-11-13,
16-12-25-11-11-13,
17-12-23-11-11-13.

Это — у 40% всех тестированных пуштунов! Здесь мы уже говорим не о предковых гаплотипах, а об индивидуальных, у которых могут проскочить любые мутации.

Первый гаплотип — мой. И что поразительно, следующая пара маркеров, седьмой и восьмой (в списке гаплотипов пуштунов, у которых приведены 8-маркерные гаплотипы), тоже полностью совпадает с моей. Это маркеры под штатными номерами 389-1 и 389-2. И у меня, и у тех пуштунов с наиболее популярным среди них гаплотипом в первой строчке (у 13 человек из 93, или 14%) соответствующие аллели равны 13-30, То есть полное совпадение со мной, славянином, уже по 8 маркерам.

Мое первое знакомство со славянскими гаплотипами началось с того, что я рассматривал 260 восточнославянских гаплотипов, и нашел в них 293 мутации по отношению к базовому гаплотипу 16-12-25-11-11-13. Это дает в среднем 0,19 мутации на маркер, или примерно 3700 лет до общего пред-

ка. Потом оказалось, что если гаплотип удлинять, от 6-маркерного к 12- и 25-маркерному и далее до 111-маркерного, то число мутаций нарастает настолько, что в итоге дает 4900 лет до общего предка восточных славян. Об этом было сказано выше в данной книге.

Еще одна база данных, раздел «Южная Индия». Наиболее популярные гаплотипы:

16-12-25-11-11-13,
15-12-25-10-11-13,
17-12-25-11-11-13,
15-12-26-11-11-13,
17-12-24-11-11-13,
16-12-25-10-11-13.

Как видим, та же самая картина, те же «восточнославянские гаплотипы». И гаплогруппа та же — R1a. Возраст — 3700 лет до общего предка, определенный по протяженным гаплотипам.

Все сходится к тому, что восточные славяне — прямые родственники индусам — если не всем, то весьма представительной группе, до сих пор доминирующей в ряде областей Индии и Пакистана.

Как так получилось?

Об этом было сказано выше. Общий предок славян и индусов жил примерно 4900 лет назад, после этого они и разошлись. А дальше дело завершила генетика — сформировала лица, теперь часто очень разные у славян и индусов, хотя те арии, которые «держали» свой род и не смешивались, так и остались праславянами по типажу (см. фотографии в предыдущей главе). Так что цвет кожи и волос потомков ариев в Индии определялся бытием, которое, как известно, определило сознание, и наоборот.

### *Копнем чуть глубже*

Итак, получается, что предки индусов — славяне. Точнее, праславяне, протославяне. Как еще назвать нас, славян, прямых предков? Хотя «славяне», строго говоря, языковая

категория, она же этнокультурная, но предки славян и есть праславяне. И протославяне, возможно, говорили на санскрите или очень близком к нему языке, а именно, арийском. Не удержусь и приведу короткий отрывок, хотя в основу этого отрывка были положены совсем другие соображения, а именно, что арии якобы произошли откуда-то из Заполярья, или даже с Северного полюса. Об этом — одна из последующих глав настоящей книги. Тогда не знали, что арии — это и есть праславяне, предки половины русских людей, и увлекались экзотическими теориями происхождения ариев, типа «арктических». Но суть отрывка — о близости языков, что к Арктике отношения не имеет: *«Теперь уже становится ясно, почему такое сходство у индийских и русских народных мотивов, почему так схожи древний санскрит и русский язык. Причем похожи не только некоторыми словами, как многие языки мира. Удивляет то, что в двух наших языках схожи структуры слова, стиль и синтаксис. Добавим еще большую схожесть правил грамматики».*

### *Любопытные факты: русский и санскрит*

Из книги доктора исторических наук Н.Р. Гусевой «Русские сквозь тысячелетия. Арктическая теория». Впечатления жителя Индии, приехавшего в Москву.

*«Когда я был в Москве, в гостинице мне дали ключи от комнаты 234 и сказали «dwesti tridtsat chetire». В недоумении я не мог понять, стою ли я перед милой девушкой в Москве, или нахожусь в Бенаресе или Удджайне в наш классический период 2000 лет назад. На санскрите 234 будет: «dvishata tridasha chatvari»».*

Заметим, что в данном случае сходство русского языка с санскритом ближе, чем с английским, немецким, французским, испанским и прочими родственными им языками. Попробуйте произнести 234 на любом из них, и вслушайтесь. *Цвай хундерт фир унд драйсих* — есть разница? *Ту хандрид серти фор* — есть разница? *Де сен транте катр* — есть разница?

Но о каких славянах речь? И вот выясняется, что речь здесь может идти только о восточных славянах, гаплотипы которых относятся, как и у индусов, к гаплогруппе R1a. «Се-

верные славяне», с гаплогруппой N1c1, произошли от других древних предков, как рассказывается в этой книге. У них нет той уникальной метки, снипа, которая есть и у индусов, и у восточных славян. Что еще раз подтверждает общее происхождение двух последних народностей. А людей с гаплогруппой N1c1 в Индии вообще практически нет. Как и нет с гаплогруппой I или R1b, самой распространенной гаплогруппы Центральной и Западной Европы.

Иначе говоря, заметная часть украинцев, а именно южных славян (гаплогруппы I2), тоже не имеет общего происхождения с восточными славянами (гаплогруппы R1a). У тех и других разные гаплотипы, разные гаплогруппы, и индусы к южным славянам никакого отношения не имеют, во всяком случае, после образования европеоидов, почти 60 тыс. лет назад.

Давайте разбираться.

У восточных славян и индусов — гаплогруппа R1a, у южных славян — гаплогруппа I2. У балтийских-скандинавских — гаплогруппа I1. У южно-балтийских славян — гаплогруппа N1c1. Те, кто потом стали восточными славянами, осваивали восточную территорию Евразии — Русскую равнину, северный Казахстан, Южный Урал (андроновская археологическая культура). Там повсюду — гаплогруппа R1a. Те, кто стали южными славянами, пришли из Европы со своей гаплогруппой I2, а туда — не менее 40 тыс. лет назад, видимо, с Русской равнины. А потом переженились, перемешались, обменялись с R1a генами, да и продолжают обмениваться в каждом последующем поколении — немудрено, что возникла славянская общность с похожими языками, религией, культурой. Но гаплотипы не изменить — они так и несут свои R1a, I1, I2 и N1c1 через сотни и тысячи поколений, через генетику, через религию, через культуру, почти не изменяясь, разве только за счет спонтанных мутаций.

И что сейчас имеем?

А вот что. Гаплотип гаплогруппы N1c1, южно-балтийских славян, уральцев, сибиряков, алтайцев, заметно отличается от гаплотипов других славян. Если у восточных и южных славян по прихоти судьбы шестизначные гаплотипы очень близки — так статистика на первых шести маркерах

легла (на последующих маркерах различия еще как выражены) — и имеют вид (с мутациями)

16-12-25-11-11-13

и

16-13-25-11-11-13,

соответственно, то у южно-балтийских славян гаплотипы обычно имеют вид

14-12-23-11-14-14,
14-12-23-10-14-14,

то есть 8—9 мутаций в сторону от первых. Не менее 1800 поколений до общего предка, 45—50 тыс. лет. Эти гаплотипы и разглядывать особенно не надо, и так видно, что сильно отличаются.

Гаплотипы восточных и южных славян начинают заметно различаться уже при небольшом увеличении числа маркеров, до 7—8. У восточных славян там появляется 11-14 или 11-15 (с легкими мутациями), у южных — 14-14 или 15-15 (опять же с единичными мутациями). Поэтому наметанный взгляд сразу распознает по гаплотипу, где южные славяне, с родиной предков 2300 лет назад в Боснии-Герцеговине, Сербии, Хорватии или Болгарии, как и в Греции, Чехии, Словакии, Венгрии, Польше, России, Белоруссии, Украине, и где восточные славяне. Но на протяженных гаплотипах мутаций между ними не меньше, чем с южными балтами или финно-750 000 лет назад угрaми, то есть те же 50—60 тыс. лет. Похоже, предки южных славян жили бок о бок с неандертальцами в Южной Европе, и это они рисовали впечатляющие картины на стенах пещер на юге Франции и Испании.

Восточных славян в старинных русских городах и селениях значительно больше, чем, скажем, на севере. Но при смещении на юго-запад, от Украины к Балканам, число южных славян резко возрастает. Они, повторяю, к индусам отношения уже практически не имеют. Но с восточными славянами давно сроднились.

Как уже упоминалось, в русских, славянских городах от 40 до 70% жителей относятся к восточным славянам (гаплогруп-

па R1a), 15% — к южным славянам (гаплогруппа I2), 6,5% — к «общеевропейским» славянам (гаплогруппа I1), и примерно 14% — к южно-балтийским славянам (гаплогруппа N1c1). При переходе юго-западных границ бывшего Советского Союза ситуация резко изменяется — там только четверть восточных славян и три четверти южных. Так что этнические, или, точнее, ДНК-генеалогические границы действительно в данном случае совпадают с границами государственными.

В любом случае, у восточных славян совсем другая история снипов, история рода, но, похоже, с южными они (точнее, их далекие предки) пересекались на Русской равнине те же 45—50 тыс. лет назад. А пересекались — потому что и те и другие европеоиды, а европеоиды образовались в те же времена, и не могли образоваться независимо в разных концах Евразии. Европеоиды — это очень сложный комплекс антропологических признаков, которые случайно у разных популяций в разных концах континентов не образуются. Значит, жили в древности в одном месте, в одном регионе, передавали через жен и подруг гены — теперь уже именно гены — от гаплогруппы I к R и обратно, вот и стали обе европеоидными. А потом разошлись — I (или их предки) на запад, в Европу, R — на восток, в Азию, в алтайский регион. А потом, через десятки тысяч лет, вернулись в Европу, уже как R1a, сначала, видимо, на Балканы, поближе к Адриатике. Соображали, куда дальше идти. А потом разошлись по всей Европе, и опять на восток, на Русскую равнину, примерно 4900 лет назад.

Почему именно в те времена? Возможно, потому, что именно в те времена, около 5 тыс. лет назад, в Европу из Азии пришли носители R1b, эрбины, их братья по соседней гаплогруппе, соответственно, тоже европеоиды. Но братья своих, видимо, признавать не захотели и более 10—15 тыс. лет жили раздельно. Соседства не получилось. Времена были тяжелые. Свидетельство тому — «культура разбитых черепов» в Скандинавии, археологические раскопки с идентификацией носителей R1a в Германии 4600 лет назад, с расколотыми черепами, причем и женщин, и детей, в их жилищах. Как бы там тогда ни было, но группа носителей R1a, числом неизвестная, перешла на Русскую равнину, и стала предковой по отношению к современным восточным славянам, гаплогруппа R1a. Примерно 4000 лет назад они прошли на восток до Южно-

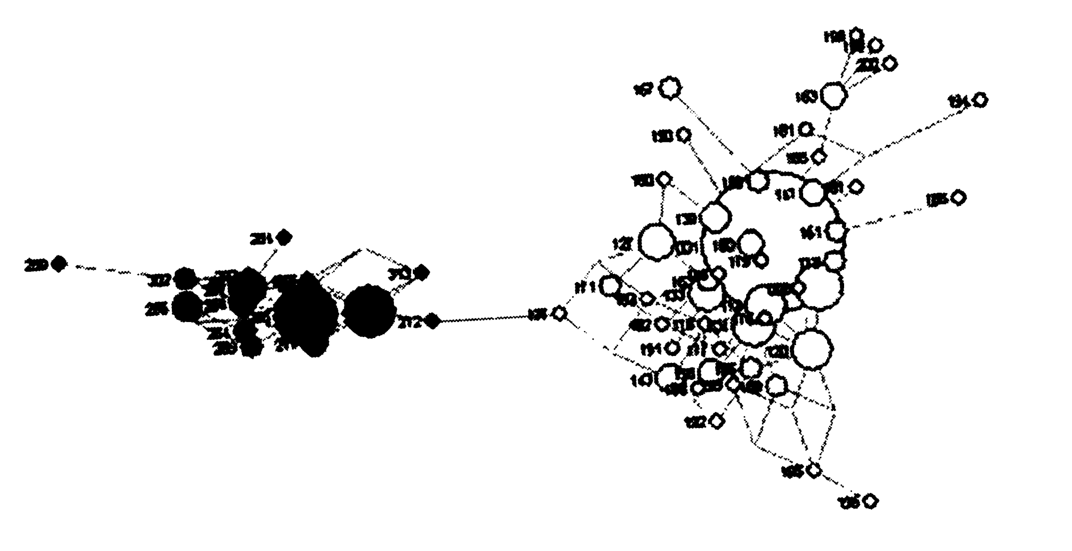
го Урала, и через 400 лет — на юг, в Индию. Другой миграционный поток в те же времена прошел в Среднюю Азию, и оттуда — в Иран. Третий поток прошел от Русской равнины на юг, на Кавказ, и далее в Закавказье, в Малую Азию, в Митанни, ныне Сирия. Все эти три потока были идентифицированы лингвистами по диалектам арийского языка, и первые два языковых диалекта получили название индоарии, второй должен был бы получить название «ираноарии», но не получил, его назвали просто иранским, или «индоиранским», и третий тоже в общем-то отдельного общепризнанного названия не получил. Иногда называют анатолийским, или митаннийским языком, ветвью индоевропейских языков.

А южных славян, гаплогруппа I2, больше всего осело в Боснии и Хорватии, но многие продвинулись на территорию, где потом возникли Украина и Россия. Так, через тысячелетия они встретились с восточными славянами, и образовали славянскую общность. Как видим, южных славян сейчас около 15% от населения России и Украины, и намного больше на Балканах. А восточные славяне несколько тысячелетий назад были родными братьями индусов.

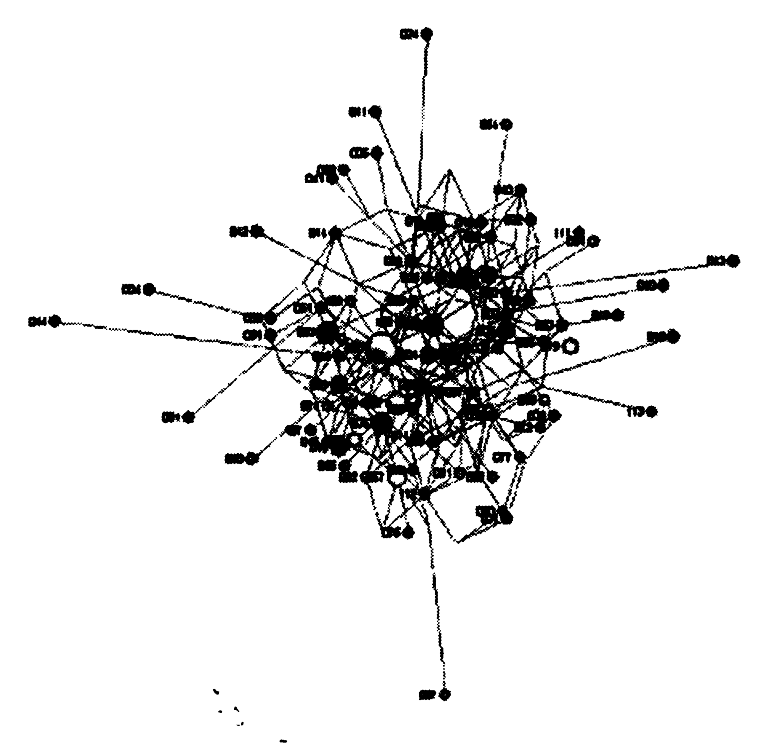
### *Так кто от кого произошел?*

Сходство гаплотипов восточных славян и индусов впечатляет. Выше рассматривались короткие 6-маркерные гаплотипы, которые были практически идентичны для обеих групп. Но оказалось, что и 12-, и 25-, и 37- и 67-маркерные гаплотипы для них практически совпадают. Попробуем это показать «на натуре».

Если взять, например, гаплотипы славян и евреев, то они не совпадают. Это было показано выше. У славян — облако мутированных гаплотипов вокруг 16-12-25-11-11-13, у евреев — вокруг 14-16-23-10-11-12. Если представить это графически, с помощью профессиональной программы кластеризации, то для 59 славянских 6-маркерных гаплотипов (это все, что нашлись в базе данных для гаплогруппы R1a ко времени написания первого варианта этого рассказа в 2007 году) и 200 гаплотипов евреев, потомков ближневосточных патриархов (гаплогруппа J1) кластер оказывается двойным, как показано на рисунке ниже.



Слева — 6-маркерные гаплотипы славян (59 человек), гаплогруппа R1a. Справа — 6-маркерные гаплотипы евреев (200 человек), гаплогруппа J1. Гаплотипы были перемешаны и обработаны профессиональной компьютерной программой, которая строит деревья гаплотипов по принципу родства



Сводное дерево 12-маркерных гаплотипов славян (59 человек) и индусов (54 человека), все 113 человек — гаплогруппа R1a

Слева — славяне, справа — евреи. Каждый кластер имеет свое ядро, и облако более мутированных гаплотипов вокруг. Чем больше одинаковых гаплотипов — тем больше размер кружка. Ясно, что перед нами — два разных этнических, генеалогических сообщества. А вот как выглядят кластеры славян и индусов, уже в более детальном, 12-маркерном варианте. На графике выше — 113 человек, примерно поровну тех и других. Темным славяне, светлым — индусы. Практически полное наложение кластеров. Добавлю, что 27 из 113 гаплотипов перекрестно идентичны — у славян и индусов. И это — по 12-маркерным гаплотипам! Стоит упомянуть, что для 12-маркерного гаплотипа вероятность случайного совпадения для двух человек весьма мала, особенно из разных эт-

носов. А здесь — перекрестно идентичны 27 из 113! Но здесь, конечно, о случайном совпадении речи нет, аллели в гаплотипах не случайны в том смысле, что находятся в относительно узких коридорах, как было показано выше.

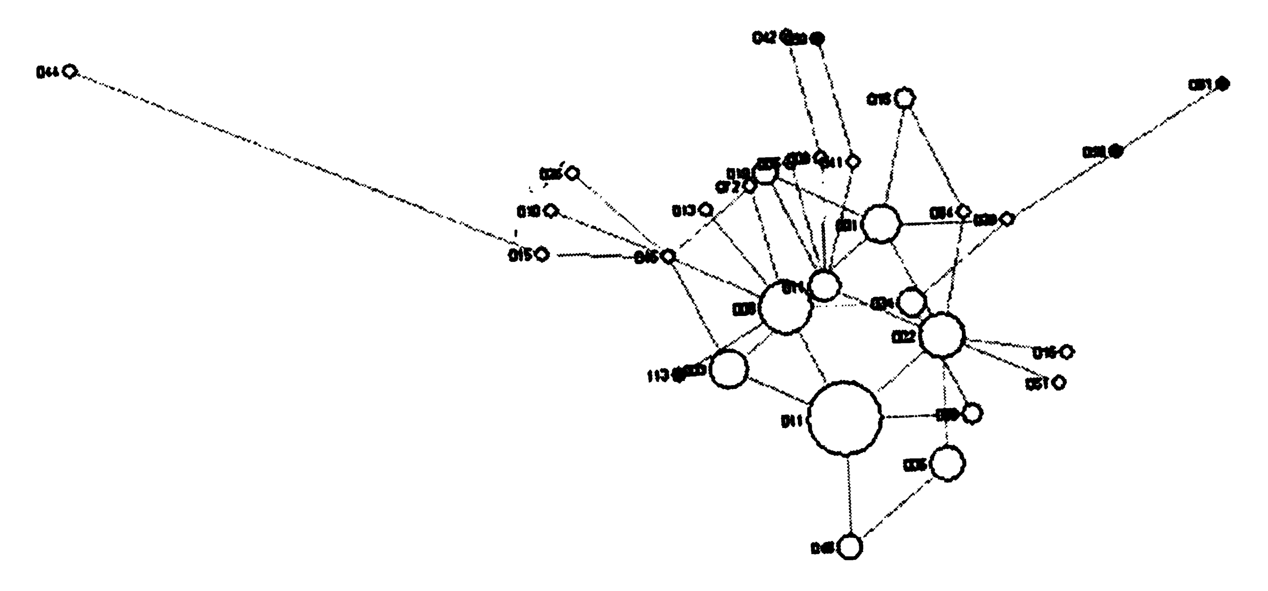
В стороны иглами отходят гаплотипы, которые отличаются мутациями больше других. И здесь не обошлось без казусов.

Дело в том, что здесь термин «славяне» довольно условен. На самом деле я взял из базы данных гаплотипы ВСЕХ жителей России, Украины и Белоруссии, которые в этой базе были, и которые имели гаплогруппу R1a. Я не хотел никого дискриминировать. Так вот, наиболее отклоняющиеся от кластера гаплотипы, под номерами 13, 34, 44, 54 и 87, это те, структура которых наиболее отличается от «канонической» индусской или славянской. Про индусов под первыми тремя номерами ничего сказать не могу, кроме того, что номер 44 зовут Саид Акбар, но номера 54 и 87 могут называться славянами довольно условно, с именем Борух у одного, и фамилией Левенталь у другого.

Как показали детальные расследования, среди евреев оказалось немало носителей гаплогруппы R1a, но славянской ее назвать нельзя. Это — следы древнего племени R1a, которые по гаплотипам отличаются от современных восточнославянских. Сейчас мы уже знаем, что эти евреи — потомки ариев, которые прошли по Ближнему Востоку примерно 4500—4000 лет назад.

Итак, сходство гаплотипов с довольно тонкой структурой (12-маркерные) у славян и индусов поразительно. Дальнейшие исследования показали, что сходство поразительное и на 25-маркерных гаплотипах, и на 37-маркерных, и даже на 67-маркерных. И что вообще мы братья, разошедшиеся примерно 4000 лет назад, что для гаплотипов не времена. Более того, 4000 лет назад для общего предка индусов означает, что их предок жил еще на Русской равнине, потому что арии перешли в Индию примерно 3500 лет назад.

Если этот смешанный славяно-индийский 12-маркерный кластер упростить, и весь построить из коротких 6-маркерных гаплотипов, то он будет выглядеть так, как показано ниже.




Сводное дерево 6-маркерных гаплотипов славян (59 человек) и индусов (54 человека),
все 113 человек — гаплогруппа R1a

Здесь уже и разными цветами выделять индусов и славян бесполезно — кружки-гаплотипы в большинстве случаев у них слились. Там 113 гаплотипов, а кружков гораздо меньше, всего 31. Иными словами, перекрестно совпали 82 гаплотипа, и весь набор гаплотипов редуцировался до тридцати одного. Темным цветом здесь я пометил только наиболее сильно выпадающих у славян, чтобы показать, что выпадают примерно в равной степени и славяне, и индусы. Самый выпадающий гаплотип у индусов под номером 44 — это все тот же Саид Акбар. У него гаплотип действительно аномальный — вместо обычного 16-12-25-11-11-13 или вокруг него, у Саида 15-14-22-10-12-13. Вот и отнесло его. У наших, у славян, выпадения гаплотипов значительно более скромные. Вместо того же обычного 16-12-25-11-11-13 и вокруг него, у них 15-12-26-11-11-14 (номер 58 на графике) и 16-12-26-11-11-14 (номер 81). А в остальном восточные славяне и индусы на этом совмещенном кластере практически неразличимы.

Итак, где жил общий предок восточных славян и индусов? Откуда предки славян пришли в Восточную Европу?

Но это уже тема другого рассказа. Первого в этой книге.

## *Приложение 1*

Давайте взглянем на население городов и некоторых регионов. Первая цифра показывает пропорцию восточных славян (R1a), вторая — южных славян (I2), третья — «общеевропейских» славян (I1), четвертая — «южно-балтийских» славян (N1c1).

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| Архангельск | 32 | 11 | 21 | 26 |
| Белгород | 63 | 15 | 9 | 8 |
| Брянск | 47 | 12 | 14 | 16 |
| Вологда | 48 | 26 | 10 | 16 |
| Иваново | 45 | 10 | 10 | 23 |
| Курск | 67 | 9 | 10 | 6 |
| Липецк | 51 | 6 | 15 | 11 |

| | |
|---|---|
| Новгород | 38 8 8 28 |
| Орел | 45 5 12 12 |
| Пенза | 52 14 8 10 |
| Рязань | 47 14 8 8 |
| Смоленск | 57 7 2 14 |
| Тамбов | 56 15 17 6 |
| Тверь | 55 5 15 10 |

## *Приложение 2*

Наиболее распространенные гаплотипы в старинных русских и других славянских городах. В скобках указано количество тестированных человек. Указана гаплогруппа, если не R1a. Это — данные относительно старые, но они дают хорошее картину, с чего начались современные представления ДНК-генеалогии.

**Белгород (35 чел.)**
16-12-24-11-11-13
16-12-25-11-11-13
16-12-26-11-11-13

**Брянск (43 чел.)**
16-12-25-11-11-13
16-12-24-11-11-13
16-12-25-10-11-13

**Владимир (50 чел.)**
16-12-25-11-11-13
16-12-24-11-11-12
16-12-26-11-11-13

**Вологда (40 чел.)**
16-12-25-11-11-13
16-12-25-10-11-13
14-12-23-10-11-13 (гаплогруппа I1)

**Волот (32 чел.)**
16-12-25-11-11-13
16-12-25-10-11-13
16-12-24-10-11-13

**Иваново (40 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Калуга (36 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Киев (243 чел.)**

16-12-24-11-11-13

16-12-25-11-11-13

17-12-25-10-11-13

**Липецк (47 чел.)**

16-12-24-11-11-13

16-12-25-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Москва (85 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Нижний Новгород (53 чел.)**

16-12-24-11-11-13

16-12-25-11-11-13

14-12-23-11-14-14 (гаплогруппа N1c1)

**Новгород (127 чел.)**

16-12-25-10-11-13

16-12-25-11-11-13

15-12-25-11-11-13

14-12-23-10-14-14 (гаплогруппа N1c1)

**Архангельск (42 чел.)**

14-12-23-11-14-14 (гаплогруппа N1c1)

14-12-22-11-14-14 (гаплогруппа N1c1)

16-12-24-11-11-13

**Орел (72 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

15-12-25-11-11-13

**Пенза (81 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-25-10-11-13

15-12-25-11-11-13

**Псков (40 чел.)**

15-12-23-11-14-14 (гаплогруппа N1c1)

16-12-25-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Рязань (35 чел.)**

16-12-24-10-11-13

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

16-12-25-10-11-13

15-12-25-10-11-13

**Смоленск (43 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-25-10-11-13

15-12-25-11-11-13

**Тамбов (48 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

15-12-25-10-11-13

17-12-25-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Тула (42 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

16-12-24-10-11-13

16-12-25-10-11-13

**Тверь (43 чел.)**

16-12-25-11-11-13

16-12-24-11-11-13

16-12-25-10-11-13

**Брест (30 чел.)**

16-12-24-11-11-13

16-12-25-10-11-13

16-12-24-10-11-13

16-12-25-11-11-13

**Витебск (53 чел.)**
16-12-25-11-11-13
16-12-24-11-11-13
16-12-25-10-11-13
**Гомель (30 чел.)**
16-12-24-11-11-13
15-12-25-11-11-13
16-12-25-11-11-13
16-12-24-10-11-13
**Гродно (56 чел.)**
16-12-25-10-11-13
16-12-25-11-11-13
17-12-25-10-11-13
16-12-24-11-11-13
**Белоруссия «в целом» (69 чел.)**
16-12-25-11-11-13
16-12-24-11-11-13
16-12-25-10-11-13
16-12-24-10-11-13

Смотрим дальше в базах данных. Вот — ВСЕ гаплотипы индусов и пакистанцев (на 2007-й год) в гаплогруппе R1a в самой большой базе данных. В скобках — количество людей с таким гаплотипом, всего 52 человека:

16-12-25-10-11-13 (10)
16-12-25-11-11-13 (6)
16-12-24-10-11-13 (5)
15-12-25-11-11-13 (4)
16-12-24-11-11-13 (3)
15-12-25-10-11-13 (3)
15-12-24-11-11-13 (2)
17-12-25-11-11-13 (2)
15-12-25-11-10-13 (2)
15-12-24-10-11-13 (1)
15-12-25-11-11-13 (1)
16-12-24-11-11-12 (1)
16-12-23-11-11-13 (1)

15-12-24-9-11-13 (1)
15-12-25-10-12-13 (1)
15-12-23-10-11-13 (1)
15-12-24-10-10-13 (1)
15-12-26-10-11-13 (1)
15-12-26-11-11-13 (1)
16-12-24-11-11-14 (1)
16-12-22-11-11-13 (1)
15-12-22-10-12-13 (1)
17-12-25-10-11-13 (1)
16-12-25-12-11-13 (1)

И фамилии у всех типично индусские — Сринивасан, Сингх, Пател, Кришнасвами, Бхатнагар, Шарма... Наиболее часто встречаются те же самые гаплотипы, что и у восточных славян.

## Глава 4

# ДРЕВНИЕ АРИИ: КТО ОНИ БЫЛИ И ОТКУДА?

Эта глава была вызвана к жизни докладом президента Таджикистана Эмомали Рахмонова «Арийские ценности в мировой цивилизации», прочитанным в августе 2006 года, и его же статьей «Арии и познание арийской цивилизации (размышления накануне празднования Года арийской цивилизации»).

Его материалы содержат хороший исторический экскурс в историю Средней Азии и древнеиранских государств 1 тысячелетия до н.э. и 1 тысячелетия н.э. Государств, которые вошли в историю как арийские — и по языку, и по этносу, и по государственному образованию. Характерно, что Дарий I, ахеменидский царь, написал на барельефе в Накш-и-Рустаме «Я, Дарий, великий царь, царь царей... ахеменид, перс, сын перса, арий, сын ария».

А поскольку над экскурсом президента, естественно, немало поработали лучшие научные силы Таджикистана, то этот текст отражает современное состояние науки об ариях. По крайней мере, научный взгляд с востока, из Средней Азии.

Но из статьи президента, как и из других материалов исторический науки вытекает, что история ариев становится более-менее ясной ТОЛЬКО после переселения их в Индию и Иран. Конечно, там тоже многое неясно, но никакого сравнения с тем, насколько неясно, что было ДО ТОГО. Поскольку президент (точнее, историки, готовившие материал) этого не знает, то даже упоминания предыдущей истории ариев всячески избегает.

У меня нет никаких оснований обвинить президента или его помощников в утаивании, в умышленном перекосе в сторону Индии и Ирана. Думаю, это — объективное отражение полного незнания этого вопроса. Да и откуда историкам-лингвистам знать? Они не нашли ответов.

### *Что современная историческая наука говорит об ариях 2 тысячелетия до н.э. и ранее (более 3000 лет назад)*

Справедливости ради следует указать, что некоторые упоминания о предыдущем бытии ариев, или их предшественников, в статье президента есть. Но эти упоминания либо весьма глухие, либо ошибочные, как мы убедимся ниже. Что же он упоминает?

Он упоминает, что до разделения «*племен иранских и индийских ариев*» был «*период их длительного проживания на одной территории вплоть до времени переселения на территории их нынешнего проживания*». Какие территории «длительного проживания» — непонятно. Не называют. Или не знают, или называть не хотят. Он говорит, что «*языковая, культурная и религиозно-традиционная общность иранских и индийских ариев сама по себе является доказательством длительного совместного проживания этих народов на одной единой территории*». Какая территория — сведений опять нет.

Цитирую президента: «*После переселения ариоиндийских народов в Индию, примерно в начале 2 тысячелетия до нашей эры, началось время разделения племен иранских и индийских ариев*».

Здесь сразу несколько вопросов. Во-первых, переселения ОТКУДА? Переселение ВСЕГДА откуда-то. Президент не знает, поэтому и не упоминает. Даже не предполагает, хотя последующая история ариев исключительно детальная. А перед этим — обрыв. Стена. Пропасть.

Далее, заметили? «*Переселение ариоиндийских народов в Индию*». То есть они уже БЫЛИ индийскими народами ДО переселения. Интересно, да?

Со сроками переселения в Индию президент особенно не ошибся, сказав, что это было «*примерно в начале 2 тысячелетия до нашей эры*». На самом деле это было не в начале, а скорее в середине 2 тысячелетия, 3500 лет назад. Арии ушли с Южного Урала в Индию примерно 3600 лет назад, какое-то время заняло передвижение. Это древние иранские языки появились в начале 2 тысячелетия до нашей эры, по данным

лингвистов. Значит, 3900—3800 лет назад. Это и были арийские языки, это и было время, предшествующее переселению ариев в Иран. Это были, видимо, два разных потока миграции ариев, с разницей в несколько сотен лет. Первые ушли в Иран из Средней Азии, вторые в Индию — с Южного Урала.

Президент меняет эти потоки местами и временами, отмечая, что *«примерно через тысячу лет после переселения индоариев происходит переселение группы ариоиранских племен, населявших Среднюю Азию, на территорию современного Ирана. Эти арийские народы были предками мидийцев, персов, и других западноарийских (иранских) племен»*. Здесь сразу несколько нестыковок. Во-первых, нестыковка со временем перехода ариев в Индию, которая произошла с Южного Урала (Аркаим, Синташта, «страна городов») 3600—3500 лет назад. Через тысячу лет после этого, то есть всего 500—600 лет до н.э. арии не могли перейти в Иран, поскольку там арии к этому времени давно были, и было Мидийское царство, было государство Ахеменидов, была Бактрия, несколько севернее. Да и Авеста уже была в целом создана, в которой говорится про прежнюю жизнь ариев.

Далее, серьезная нестыковка с данными лингвистов, по которым иранские/индоевропейские языки стали появляться только в начале 3 тысячелетия до н.э., то есть ДО перехода ариев в Индию, а не после. Это все говорит о том, что арии передвинулись в Иран тогда же, когда и в Индию, а не на тысячу лет позже.

Я это все пишу вовсе не в пику уважаемому президенту, а только чтобы показать, что знания современных историков по истории ариев фрагментарны и часто неверны, или, по меньшей мере, конфликтуют с другими данными (или предположениями) науки.

Написав о *«группе ариоиранских племен, населявших Среднюю Азию»*, президент опять поворачивает историю вспять, поскольку те племена иранскими до переселения в Иран никак не могли быть. Но здесь речь уже идет о Средней Азии, как месте жительства ариев ДО перехода их в Иран. Далее, президент пишет: *«На основании историко-археологических, языковых и географических фактов исследователи установили основные территории распространения ариоиранских народов и языков в очень обширных границах — от*

*юго-востока Европы до Восточного Туркестана и от Приуралья и юга Сибири до юга Ирана»*. Здесь совершенно непонятно, кто куда распространялся — то ли это «арииоиранские народы» распространились по столь большим территориям, то ли, наоборот, это был ареал распространения предков «арииоиранских народов», которые и положили начало как «ираноариям», так и «индоариям».

Но поскольку далее президент пишет о том, что «*другие восточноарийские народы — бактрийцы, согдийцы, хорезмийцы и некоторые сакские племена* (то есть, по некоторым прочтениям, скифы. — *А.К.*) — *избрали местом постоянного проживания свою историческую территорию — Среднюю Азию*», то отсюда следует, что именно Средняя Азия была «историческим местом» ариев, их колыбелью.

И действительно, цитируя академика В.В. Бартольда, президент пишет: «*Насколько мы можем судить об истории Средней Азии, ее коренное население всегда принадлежало к арийским племенам, в частности, к иранской группе арийских народов*». То есть, оказывается, не только арии всегда жили в Средней Азии, но там всегда жили и «ираноарии». А как же переселение ариев в Иран? Откуда тогда они переселились, если они там всегда жили? И тут же президент пишет, что слово «Ариана» «*происходит от названия арийских племен или народов и является названием той земли, на которой первоначально проживали арии. Вокруг этого названия ведутся продолжительные споры...*» Значит, земля первоначального проживания ариев для тех, кто готовил президенту материал, неизвестна? И тут же дальше: «*За время миграции и длительного проживания в Средней Азии — на своей извечной родине — арийские народы...*»

И тут же о «*древнейшей территории проживания ариев в южных районах России*». И опять: «*Территории проживания ариев были гораздо более обширными*». И здесь же: «*Одним из реальных доказательств относительно первоначальной территории проживания союза ариев, за тысячелетия до нашей эры, в пределах от южных степей России до Средней Азии...*» Так как же с «извечной родиной» ариев в Средней Азии?

Вопрос этот у современных историков запутался донельзя.

Далее, просто занятная, но характерная неточность. *«После переселения ариоиндийских народов в Индию... началось время разделения племен иранских и индийских ариев»* Так для такого разделения им надо сначала в Иран переселиться, хотя бы для части ариев. Об этом в тексте упоминания нет. И понятно, почему нет. У историков и президентов таких оговорок не бывает. Они просто не знают, как и когда произошло это переселение из Индию в Иран, и вообще переселялись ли. Возможно, часть ариев переселились прямо в Иран, без промежуточной Индии.

Сказанное выше было дано только для того, чтобы показать, насколько далека современная историческая наука от понимания истории ариев. В терминах ДНК-генеалогии — рода R1a, или гаплогруппы R1a, что то же самое. И раз уж мы заговорили про гаплогруппы, пора перейти к тому, что показала ДНК-генеалогия.

### *ДНК-генеалогия об ариях, род гаплогруппы R1a*

Маршрут продвижения гаплогруппы R1a из Центральной Азии до Балкан (и далее), который занял примерно 10 тысяч лет, довольно подробно описан в первых главах данной книги. Коротко, будущий предок ариев пронес гаплогруппу R1a в Восточную Европу и поселился 10—9 тысяч лет назад на Балканах, затем распространившись по Европе. Мутация данной гаплогруппы осталась у всех, кто образует род ариев. Арии — прямые потомки тех, кто пришли на Балканы в те времена, и имеют эту характерную мутацию в своей Y-хромосоме. Естественно, понятие арии стоит относить к древним ариям, но мы, носители гаплогруппы R1a — их потомки.

Арии говорили на языке, который следует назвать арийским, просто по определению. Его можно назвать «протоиндоевропейским», принимая, что через семь тысяч лет потомки этих ариев, которые тогда будут действительно называть себя ариями, придут в Индию и Иран, принесут свой арийский язык, на нем заговорят Северная Индия и Восточный Иран. А поскольку к тому времени арии уже тысячу — полторы тысячи лет как распространились по всей Европе, как Западной, так и Восточной, то неудивительно, что от Индии до

Атлантики 3000— 3500 лет назад стали говорить на сходных наречиях. Арийских. И британские лингвисты, прибыв в Индию через три тысячи лет после описанных событий, обнаружили этот факт. И назвали эту группу языков индоевропейской. Могли бы назвать арийской, но у них тогда не было для этого данных. Не было и соответствующих знаний.

Итак, ДНК наших современников показывают, что самые древние корни ариев, рода R1a, давностью 10—9 тысяч лет, находятся на Балканах — в Сербии, Боснии, Хорватии, Македонии. Через 5 тысяч лет этот род расширится на северо-восток, на Северные Карпаты, и в причерноморские степи. Дальше род ариев продвинулся по Русской равнине на восток, и разделился на ряд миграционных путей, как описано в первых главах настоящей книги.

### *Что о времени и месте проживания ариев говорит Авеста?*

Основные сведения о жизни ариев были получены еще в XIX веке, при детальном изучении древних источников. При чтении материалов XIX века у меня сложилось впечатление, что все последующие обсуждения жизни ариев, в том числе и обсуждения конца XX века — начала XXI, фактически являются пересказами того, что было известно уже в XIX веке. XX век добавил немного, если не считать сильного искажения вопроса германскими учеными (с их «индогерманскими ариями» и «индогерманской» группой языков). Да еще в принципе неверная «арктическая теория» ариев и всего человечества, предложенная индийским ученым Тилаком (см. ниже), которая была некритически подхвачена научной богемой. В остальном продолжаются пересказы старого, которые часто не выдерживают проверки ДНК-генеалогией. Об этом речь пойдет ниже.

Естественно, я не буду опять пересказывать Зенд-Авесту и Веды. Остановлюсь только на тех положениях, которые проверяемы ДНК-генеалогией, и буду рассматривать историю ариев только до их переселения в Иран и Индию. То есть те времена, которые практически не раскрываются исторической наукой. Далее, индоариями и ираноариями я буду

называть ариев, переселившихся в Индию и Иран. Никакого лингвистического компонента в этих названиях у меня нет. Типа «афроамериканцы» в современных США.

В качестве первого фундаментального источника остановлюсь на труде генерала британской армии Алберта Пайка под названием «Лекции об ариях», которые полковник читал в 1870-х — 1880-х годах. Они были опубликованы только через полвека, в 1930-м году его близким другом полковником Вудом.

Должен пояснить, что означает «не выдерживает проверки ДНК-генеалогией»? Естественно, речь не идет о переводах древних гимнов и эпосов, в особенности Ригведы и Зенд-Авесты, и изложения почерпнутых оттуда их образа жизни, законов, правил и привычек. Речь идет об историческом контексте, временных эпохах. Когда я читаю в лекциях генерала Пайка, что арии жили 10—12 тысяч лет назад в Средней Азии, и жили там всегда (?), это уже не стыкуется с ДНК-генеалогией. В наших ДНК записано другое, и даются значительно более близкие сроки жизни ариев в Восточной Европе и в Азии, а именно, 4500—3500 лет назад, после чего они в значительной части передвигаются из Средней Азии в Иран и Индию и становятся ираноариями и индоариями.

Более того, когда я читаю, что жизнь ариев вращалась вокруг коней и молочного животноводства, что они пили молоко, то для меня это уже говорит о тех же более близких сроках. Ген Т-13910, ген лактозной толерантности, появился примерно 6600—4800 лет назад, и появился он либо в Средней Азии, либо в Предуралье, либо в южных степях на территории современной России, либо в Европе. Все эти варианты в ходу в современной науке. Лошадь была приручена примерно 6 тысяч лет назад. Поэтому ясно, что интерпретация текстов Авесты в отношении временных сроков жизни ариев была проведена неверно. И когда я читаю в Зенд-Авесте о колесницах, ясно, что речь идет об относительно недавнем периоде времени, примерно 4000—4200 лет назад. Наконец, мы уже знаем, что арии (R1a) мигрировали на восток с Балкан, и достигли на своем пути Средней Азии примерно 4500—4000 лет назад. Это и было начало жизни там древних ариев, и закончился этот период примерно 3500 лет назад, то есть продолжался около 500—1000 лет. Тоже немало. Вот те

времена и описываются в эпосах и гимнах ариев, в том числе и в первую очередь, в Авесте и Ригведе.

Надо понимать, что Авеста — собрание литературных, философских текстов и легенд об арийских народах и их верованиях — создавалась в устном виде в различные периоды времени, видимо, с начала 1 тысячелетия до нашей эры, отдельные части стали записываться примерно с середины того же тысячелетия, а собрание и систематизация Авесты завершились только к середине 1 тысячелетия нашей эры. При этом сохранились только 5 книг из 21. Иначе говоря, это трудно назвать документальным первоисточником, в котором четко были бы зафиксированы даты и места жизни ариев. «Творческая переработка» материала шла и при его устной передаче, и при записи, и при интерпретации уже в более поздние времена. Поэтому приходится прибегать к расшифровке тестов, и эта расшифровка каждый раз ведется исходя из соответствующего уровня представлений. Попробуем расшифровать и мы, опираясь на новые данные ДНК-генеалогии.

Поскольку заметную часть Авесты составил Заратустра (примерно 630—553 лет до н.э.), пророк и реформатор иранской религии того времени, то мы не можем рассчитывать на нейтральность текстов. Известно, с какой страстью Заратустра боролся за реформы древнеарийских верований, и в итоге добился того, что ряд положительных богов у ариев стали отрицательными, демонами, представителями мира мрака и зла. Благодаря, видимо, Заратустре, ираноарийская Авеста описывает в основном других богов, нежели индоарийская Ригведа. Похоже, что арии до своего расхождения на иранскую и индийскую ветви имели более общие верования. Да и вообще, по многим сведениям (или часто предположениям), Заратустра значительно отредактировал Авесту.

В Авесте есть перечень стран, в которых предположительно обитали арии до своего передвижения в Иран. Таких стран пятнадцать, и за исключением первой, Ария Ваэджа, то есть «арийский простор», остальные 14 либо относятся к Средней Азии, либо представляются мифическими. ДНК-генеалогия показывает, что в Среднюю Азию арии (R1a) пришли по южным степям нынешних России и Казахстана. Возможно, это и есть «арийский простор». Интересно, что в тесте Авесты описания стран в первом Фаргарде, или гла-

ве, книги Вендидад, даются в форме обращения к Заратустре. Так что пророк явно прошелся по описанию стран и вполне мог внести коррективы. Интересно, как Заратустра оформил в Авесте обращение бога Ахура Мазда к самому себе, к Заратустре: «Ахура Мазда сказал благороднейшему Заратустре — я создал, благороднейший Заратустра...» В общем, Заратустра умер явно не от скромности.

Именно при описании Ария Ваэджа сообщается, в аллегорической форме, о резком похолодании в прекрасных до этого краях, что сократило лето до двух месяцев, а зима стала 10-месячной. Земля промерзла «до середины, потом до сердца. Пришла зима. А потом настало самое ужасное». Что самое ужасное — неясно. Враги нагрянули? Температура упала ниже некуда? В любом случае, это «ужасное» заставило ариев покинуть «арийский простор».

Второй страной названа уже Согдиана, это — Средняя Азия, Туркестан. Никаких регионов до «арийского простора» не перечислено. Русская равнина в любой форме не упомянута. Впрочем, неудивительно, 500—1000 лет в народной памяти обычно не сохраняются, если нет манускриптов.

Последующие 12 стран в списке находятся к юго-западу и юго-востоку от Согдианы, и пятнадцатая — Пенджаб. Согласно классическим интерпретациям Авесты, одним из первых мест прибытия ариев в Среднюю Азию был будущий Самарканд. Пайк полагает, что 10-месячная зима вообще относится к высокогорным районам Средней Азии, куда арии, вероятно, поначалу зашли.

Опять приходится повторить, что страны пребывания ариев были записаны в Авесте Заратустрой в VI—V веках до нашей эры, через тысячу лет, а то и больше, после перехода ариев в Иран и Индию. Поэтому им перечислены страны, которые уже были освоены ариями после перехода, и существовавшие при Заратустре. «Ария Ваэджа» к тому времени была, видимо, забыта за давностью лет, кроме общих очертаний, и так и осталась нераскрытой. Но мы уже знаем, что это были южнорусские и казахские степи. Миграция ариев проходила именно через них. Это — андроновская археологическая культура.

В Авесте нет сведений, сколько времени прошло между перемещением двух ветвей ариев в Иран и Индию. Но если

правы лингвисты, что «древнеиранские языки», а на самом деле соответствующие диалекты арийского языка, появились в начале 2 тыс. до н.э., то есть примерно 3900—3800 лет назад, и если арии ушли в Индию с Южного Урала 3600 лет назад и пришли в Индию примерно 3500 лет назад, то этот интервал перед появлениям ираноариев и индоариев на своих новых территориях составляет 300—400 лет. Естественно, ко времени написания Заратустрой Гат в Авесте прошло уже более тысячи лет после переселения ариев в Иран, так что к тому времени индийский санскрит и иранский зенд разошлись значительно. Впрочем, это тема лингвистов, не моя.

Моя тема — о том, что вопреки уже более поздним толкователям Авесты, кельты не могли произойти непосредственно от ариев, и арии не могли жить в Средней Азии более 10—12 тыс. лет назад. Особенно, если под «кельтами» понимать уже поздних кельтов, носителей гаплогруппы R1b. К ариям они вообще отношения не имеют.

### *Когда создавались древние гимны арийских Вед?*

Взглянем с позиции нашего нового знания о жизни ариев на исследование генерала Пайка о том, когда были написаны древнейшие Веды, и где они могли быть написаны. На второй вопрос Пайк ответ не нашел; попытаемся это сделать мы.

Древнейшие ведические гимны повествуют о двух всадниках-близнецах, оповещающих о наступлении зари. Один из них восходил раньше солнца, другой — после, до этого оставаясь «под землей». Эти всадники были столь значимы в древней мифологии, что в Ригведе им посвящено 57 гимнов. В современной астрономии эти звезды называют Кастор и Поллукс. Но сейчас они восходят — в период весеннего равноденствия — на пять часов позже восхода солнца, точнее, Кастор на четыре с половиной часа позже, а Поллукс — позже еще на сорок минут, причем Солнце восходит в созвездии Рыб. Вопрос: в какие времена Кастор и Поллукс восходили так, как описывается в Ведах? Причем, согласно Ведам, солнце должно быть, ясно, в созвездии Близнецов.

Итак, имеем конкретную задачу для астрономов, с пятью достаточно четкими параметрами: (а) солнце в созвездии

Близнецов, (б) Кастор и Поллукс, само собой, в созвездии Близнецов, (в) одна звезда восходит до солнца, вторая — после, (г) время — день весеннего равноденствия, (д) широта — Балкан, примерно 40 градусов.

Сейчас мы знаем, что Поллукс находится от Земли на расстоянии 31 светового года, Кастор — на расстоянии 44 световых лет, причем Кастор — это три двойных звезды, чей комбинированный свет и называется Кастором. Арии этого, конечно, не знали, иначе всадников-близнецов у них был бы целый эскадрон. Оказалось, что даже 4500 лет назад на широте Балкан, да и вообще во всей северной гемисфере обе звезды восходили в указанные дни на полтора-два часа позже солнца, сначала Кастор, затем Поллукс.

Условие Вед выполняется только при уходе на 7000 лет назад. Тогда при восходе солнца в 6 часов утра на широте Балкан Кастор появлялся на небосводе в 5:44 утра, а Поллукс — в 6:11 утра. В принципе, заданное условие выполнялось в интервале 8400—6300 лет назад, но это уже не имеет большого значения. Суть ясна.

Естественно, генерал Пайк и не упоминал Балканы, он полагал, что арии тогда жили в Средней Азии. Но в целом он задачу перед астрономами поставил верно, в итоге придя к выводу, что возраст древних гимнов — примерно 7000 лет. Но мы теперь, зная, что в то время арии жили на Балканах, можем заключить, что древние Веды — балканского происхождения. Значит, ко времени выдвижения ариев на Среднерусскую возвышенность они уже более двух тысяч лет передавали из поколения в поколения ведические гимны, принесли их на Южный Урал, и только затем — в Индию.

Интересно, что в древнеславянских сказаниях с созвездием близнецов ассоциируется Велес, хотя не напрямую. При этом энциклопедии, во всяком случае западные, утверждают, что древнеславянская мифология происходит от «протоиндоевропейских религий», с которыми имеет немало общего, и создавалась не менее трех тысяч лет, если не с позднего каменного века. Западные энциклопедии, как это часто бывает при рассмотрении славянской истории, опять все перепутали с точностью до наоборот. Древнеславянская мифология и есть те самые «протоиндоевропейские религии».

И еще небольшая деталь. 7000 лет назад лошади еще не были одомашнены. Поэтому «всадников» как таковых тогда быть не могло. Герольды либо выезжали в небо на козлах (как в древних германских сказаниях), либо выбегали на своих двоих. Но за тысячелетия устных пересказов из поколения в поколения превратились во всадников, в таком виде и вошли в Веды.

### *Санскрит и арийские языки*

Интересно, что пишет президент о санскрите, и это есть отражение того, что на самом деле думают историки и лингвисты: «*Предложив гипотезу древности санскрита и происхождения от него других индоевропейских языков, Ф. Шлегель привлек внимание к историческому месту санскрита...*». Это было предложено давно, но это продолжает быть современной концепцией лингвистов. А именно, что индоевропейские языки якобы произошли от санскрита! На самом же деле — все наоборот. Более того, здесь у президента ошибка. Ф. Шлегель полагал, что и санскрит, и ряд других языков (см. ниже) произошли от древнего языка, предшественника санскрита и других «индоевропейских» языков.

В основе санскрита и был арийский язык, или языки. Санскрит — это фактически и есть вариант арийских языков, принесенных в Индию. Конечно, можно сделать кульбит и сказать — вот видите, индоевропейские языки действительно произошли от арийских языков, а они, арийские языки, и есть санскрит. Но тогда надо так и сказать. На самом деле, санскрит ближе всех индоевропейских языков именно к русскому и литовскому, по причине того, что арии, перейдя в Индию, продолжали говорить на «русском» варианте арийского языка, поскольку уже 500—1000 лет (!) обживали среднерусскую территорию, а язык дело довольно консервативное.

Кстати, литовский язык, как более консервативный, еще ближе к санскриту. Он меньше изменился за три с лишним тысячи лет. Русский, как более мобильный, стоит от санскрита дальше, чем литовский, но значительно ближе, чем западноевропейские языки.

Все это укладывается в нашу концепцию того, что род гаплогруппы R1a вышел с Балкан, 4900 лет назад продвинулся на Русскую равнину (если рассматривать только движение на восток, раз мы говорим о Таджикистане, Средней Азии, Индии и Иране), 4700—4000 лет назад прошел по южной части Украины, России, через южные степи, оставив по дороге андроновскую и родственные археологические культуры, 4000—3800 лет назад прибыл на Южный Урал, и затем, 3600 лет назад отправился в Индию и затем, оттуда, 3100—3200 лет назад, в Иран.

Для меня пока неясно, арии (R1a) появились в Средней Азии на этом пути, в развитие андроновской культуры, в ходе движения на восток 4500—4000 лет назад, или заселили Среднюю Азию на пути в Индию, 3600—3500 лет назад. Поток ведь этот и проходил через Таджикистан. Я склоняюсь к этой версии, она совершенно естественна, и имеет четкие временные и географические рамки.

Итак, арии покинули Урал 3600 лет назад, 3500 лет назад достигли Индии, расселились в ее северной части, на территории нынешнего Кашмира, а наиболее мобильные продолжали движение на юг и запад, вошли в Иран со своим, арийским языком, в дополнение к тем ариям, которые передвинулись в Иран за несколько сот лет до того из Средней Азии. Вот его-то, арийский язык, и назвали «древнеиранским» современные лингвисты, не имея понятия об истории его там появления. Потом стали застенчиво называть этот «древнеиранский язык» индоевропейским, опять без пояснения, как это он вдруг «европейским»-то стал? А потому, что арии изначально и были европейцами, язык хоть и меняется, но не так быстро. На вариантах ТОГО ЖЕ языка говорили и те арии, которые остались в Европе, которые расселились до Атлантики и до Скандинавии, до Греции и Италии, до Прибалтики и Армении, и до Урала и восточнее. Таким образом, оказалось, что «индоевропейские» языки как бы «автоматически» покрыли столь огромную территорию. Последними к этой территории присоединились Индия и Иран. Стали последними реципиентами арийского, европейского языка.

Вот это и есть механизм образования группы индоевропейских языков. Как я понимаю, лингвисты этого пока не знают. Возможно, некоторые догадываются, частично, но данных у них нет. У нас теперь есть.

Выше уже упоминалось, что через тысячу лет после перехода ариев с Южного Урала в Индию и через полторы тысячи лет после перехода из Средней Азии в Иран (хотя последние даты гипотетические, и основываются на данных лингвистов во времени образования древнеиранских, арийских языков), то есть 500—600 лет до н.э., на территории современного Ирана уже были и Мидийское царство, и государство Ахеменидов, была и Бактрия, несколько севернее. Да и Авеста, в которой говорится про прежнюю жизнь ариев, уже была в целом создана. Об этом довольно подробно изложено в докладе президента Таджикистана Э. Рахмонова. Действительно, Мидийское царство существовало на западе Ирана в 670—550 годах до н.э., и есть представления, что соответствующие арийские племена, ставшие мидийцами, переселились туда из Средней Азии, и ассимилировали местные племена касситов, лулубеев, кутиев и другие.

У мидийцев были сложные взаимоотношения с соседней Ассирией, которая занимала весьма малую территорию во времена переселения ариев в Индию и Иран, и граничила на севере с Урарту, на западе с Митанни, и на юге с Вавилонией. К периоду 800—700 лет до н.э. Ассирия стала огромной империей, и завоевала Мидию, но мидийские арии вскоре восстали и обрели независимость. К VI веку до н.э. Мидия завоевала Ассирийскую державу и сама стала огромной империей, владея всей территорией нынешнего Ирана, от Армянского нагорья до Индии, Северной Месопотамией до Каспийского моря, и востоком Малой Азии, включая почти половину южного побережья Черного моря, и до Персидского залива на юге.

Не исключено, что именно тогда к Персидскому заливу попали гаплотипы гаплогруппы R1a. Вообще история Ассирии в тот период очень загадочна, и незаслуженно выпадает из истории ариев вообще, и праславян в частности. Мне попалась в руки очень любопытная книга, изданная в 1868 году в Киеве, под названием «Объясненіе ассирійскихъ именъ», автор — Платон Лукашевич. Автор на массе примеров доказывает, что собственные имена древних ассирийцев имели

славянское происхождение. Это — не моя территория научных исследований, и я просто хочу привлечь внимание специалистов к этому вопросу, который представляется крайне интересным.

До недавнего времени гаплотипы гаплогруппы R1a Ирана были малодоступны, но сейчас начали появляться. Они представили интересную картину, по которой гаплотипы в Иране практически точно такие же, как и на Русской равнине, у этнических русских, славян гаплогруппы R1a. Возраст общего предка этих гаплотипов в Иране — 4050 лет, примерно такой же, как и в Индии. А на Русской равнине — 4900 лет. Но еще интересно то, что в Иране и местах, куда древние иранцы ходили морскими походами, например, на Коморских островах, между Мадагаскаром и восточным побережьем Африки, у входа в Мозамбикский пролив, возраст гаплотипов R1a составляет 9 тысяч лет. Это, видимо, времена миграции будущих ариев по Иранскому плато с востока на запад, в сторону Европы.

### *Представления об ариях в конце XIX века н.э. «Арийские языки» и «индоевропейские»*

Выше я упоминал «Лекции об ариях» генерала Алберта Пайка, которые автор читал в 1870—1880-х годах. К тому же времени относится книга Чарльза Морриса «Арийская раса: происхождение и ее достижения» (Charles Morris, «The Aryan Race: Its Origin and Its Achievements»), опубликованная в США в 1888 году. В ней Моррис пишет, что еще совсем недавно никто и не подозревал, что почти все европейские нации, и ряд азиатских берут свое начало от ариев, а сейчас писать историю ариев — это фактически писать историю цивилизации. И вместе с тем, по словам Морриса, не найдено ни одной могилы ариев, мы не знаем численности народа ариев, территории, на которой они жили в ранний период их истории, и когда они там жили. Но уже тогда Моррис называл таджиков Персии «истинными ариями». Действительно, гаплогруппа R1a составляет высокий процент — около двух третей — среди современных таджиков. Не случайно имен-

но президент Таджикистана выступил с докладом об ариях в год празднования ариев, с чего и начался этот рассказ.

Моррис упоминает, что концепция индоевропейских языков впервые была сформулирована сэром Вильямом Джонсом в 1790 году, когда он подчеркнул, что три языка — латынь, греческий и санскрит — образовались из единого языка, ныне уже не существующего. Джонс не исключал, что и персидский язык образовался от того же древнего языка. Восемнадцать лет спустя, в 1808 году, Фредерик Шлегель предложил назвать эту группу «индогерманскими языками», включив туда языки Индии, Персии, Греции, Италии и Германии, как образованные от одного древнего предкового языка. Бопп, в своей книге «Компаративная грамматика», опубликованной между 1833 и 1852 годами, добавил к этим языкам Зенд, армянский, литовский и славянские языки. Туда же добавили кельтские языки, и так появилась семья языков под названием «индоевропейские языки». Макс Миллер предложил назвать их «арийскими языками». Как пишет Моррис, на этот счет разгорелась дискуссия, в которой ряд лингвистов указывали, что так можно называть только хинди и персидские языки, поскольку до разделения они и были арийскими. Однако, как продолжает Моррис, краткость, емкость и удобство термина «арийские языки» играет ему на руку. При этом между филологами было достигнуто согласие, что «арийскими» нельзя называть всех людей, говорящих на индоевропейских языках. В то же время термин «арийские языки», как отмечает Моррис, настолько прост и удобен, что это «в десять раз более важно для людей, чем этимология этого выражения».

Надо сказать, утверждение, что ««арийскими» нельзя называть всех людей, говорящих на индоевропейских языках» — это типичное забалтывание вопроса. Естественно, нельзя называть, но по совершенно другой причине. Это как нельзя называть «советскими» людей, живших в петровскую эпоху. Дело в том, что индоевропейские языки, на которых раньше говорили только арии, распространились по Европе уже в середине 1 тыс. до н.э., и с тех времени они перестали быть арийскими, если говорить о носителях этих языков. Аналогично, индийцев, говорящих сейчас на английском

языке (пусть и искаженном), нельзя называть англичанами. Зачем ломиться в открытую дверь?

Если коротко, то арии, строго говоря, были люди, пришедшие с Русской равнины в Индию и Иран, и принесшие, как мы сейчас знаем, с собой гаплогруппу R1a. Ясно, что это не может относиться ко всем людям, говорящим на индоевропейских языках.

В заключение этого раздела стоит отметить, что ДНК-генеалогия принесла принципиально новый подход к вопросу о перемещениях родов в прошлом, и рода ариев в частности. Последующие находки будут связаны с изучением гаплотипов группы R1a в первую очередь в Иране, Малой Азии, на Кавказе.

## *Арии и колесницы и что об этом говорит ДНК-генеалогия*

Я признателен украинскому археологу А.И. Василенко, специалисту по древним колесницам, который обратил мое внимание на бабинскую культуру, или культуру многоваликовой керамики, одну из ярких степных культур, существовавших 4200—3900 лет назад. Судя по тому, о чем речь пойдет ниже, этот период стоит скорректировать, по меньшей мере, на 300 лет.

На вооружении носителей бабинской культуры была легкая конная колесница. В этом отношении бабинская культура оказалась звеном в серии степных колесничных культур: синташтинской, петровской, доно-волжской абашевской, памятников потаповского типа, и других археологических культур. Во всех перечисленных культурах присутствуют элементы культуры Бабино. Вопрос — кто были люди общества бабинской культуры?

«Кто были люди» — это необычная постановка вопроса в археологии, которая имеет дело в основном с материальными признаками изучаемой эпохи. В данном случае такой вопрос уместен, потому что мы начинаем говорить о содружестве археологии с ДНК-генеалогией. Последняя — новая область науки, которая оперирует ДНК, а именно характерными мутациями в Y-хромосоме (в данном исследовании)

мужчин. В принципе, ДНК-генеалогия работает и с характерными мутациями в ДНК у женщин, а именно в их митохондриальной ДНК, однако мутации в мтДНК происходят значительно реже, и не подходят для изучения динамики событий во времена, рассматриваемые в настоящем исследовании. Помимо того, и это является еще более проблематичным, мутации в мтДНК значительно более «хаотичны», их трудно или почти невозможно привязать к последовательным миграционным процессам (женщины традиционно прибывали в селения к мужьям, или захватывались в ходе тех же миграций или относительно оседлой жизни), и, наконец, расчетный аппарат с использованием мтДНК значительно менее разработан для ДНК-генеалогических исследований.

Понимая популярный стиль изложения, попытаемся ответить на вопрос, кто были люди бабинской культуры в отношении их происхождения, родовой принадлежности. Вычленим их миграционные пути на фоне расширяющихся со временем миграций колесничества, которые перенимались другими народами, так что археологам уже трудно сказать, кто были основными «бабинцами», и кто их последователями. Наконец, выявим потомков бабинской культуры, живущих уже в наше время, фактически среди нас, какой бы фантастической ни представлялась такая постановка вопроса.

### *Определение бабинской культуры (культуры многоваликовой керамики, КМК). Основные материальные признаки*

Бабинская культура — культура эпохи рубежа средней и поздней бронзы, по данным археологии даты раннего этапа — конец III-го — начало II тыс. до н.э. Названа по имени поселения Бабино-III на левом берегу Днепра в Херсонской области, и далее получила название «культура многоваликовой керамики» от глиняной посуды, украшенной большим количеством налепных валиков, с богатым, разнообразным орнаментом.

Основная территория бабинской культуры — степная и лесостепная зона междуречья Дона и Днестра, памятники которой на начальном этапе протянулись узкой полосой от Одессы до Дона. Характерные археологические на-

ходки — пряжки и псалии, особенно псалии с шипами. Псалии — это часть древнего уздечного набора, и представляли собой пару вертикальных стержней или пластин, которые крепились перпендикулярно к концам удил для закрепления во рту коня. Бабинская культура сменилась срубной, а носители бабинской культуры разошлись по трем направлениям — восточному, в сторону Южного Урала, Индии, Ирана, возможно, Северного Китая; западному, на Балканы, в Грецию, в Малую Азию; и южному, на Ближний Восток — в Анатолию, Митанни, на Аравийский полуостров. Как видим, это все миграции ариев. Интересно то, что археологи не связывали миграции бабинской культуры с ариями, но много говорили об «импульсе колесничных культур с территории Доно-Днепровского междуречья вдоль степной и лесостепной черноземной равнинной зоны в Подонье, Поволжье, Заволжье, Южный Урал, Нижнее и Среднее Подунавье».

Перейдем к ДНК-генеалогии и посмотрим, согласуется ли бабинская культура с носителями гаплогруппы R1a и, в особенности, ее степной, юго-восточной ветви L342.2.

В современном варианте классификация гаплогруппы R1a с включением ветви L342.2 (в сокращенном виде) выглядит следующим образом (по данным ISOGG, 2013):

R1a L62
R1a1 SRY10831.2
R1a1a M198, M17
R1a1a1 M417
R1a1a1b1 Z283 (евразийская ветвь)
R1a1a1b1a2 Z280 (центральная евразийская)
R1a1a1b1a3 Z284 (скандинавская ветвь)
R1a1a1b2 Z93 (юго-восточная ветвь)
R1a1a1b2a Z94 (молодая юго-восточная ветвь)
R1a1a1b2a1 L342.2 (арийская ветвь)
R1a1a1b2a1a L657 (молодая арийская ветвь)

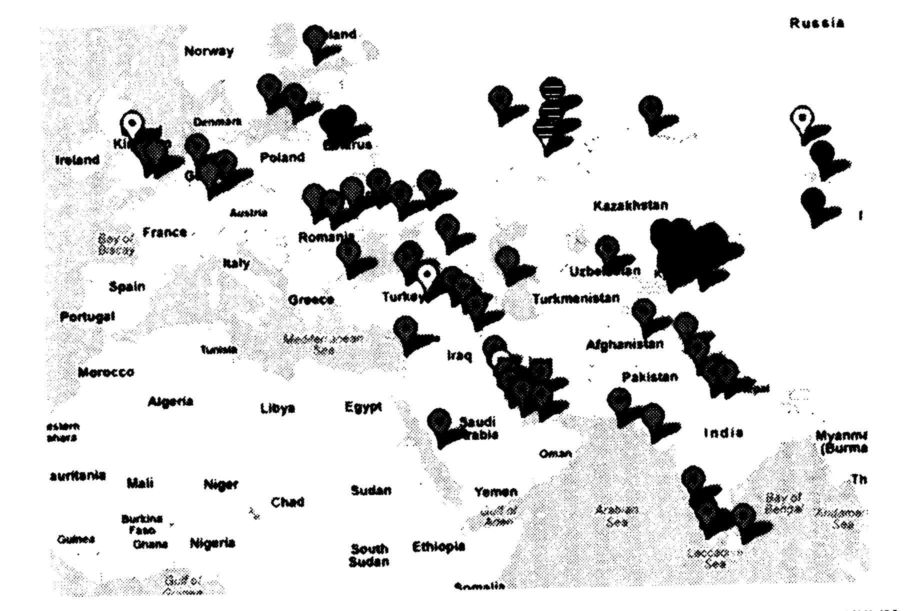
Здесь L62 — это «входной» снип гаплогруппы, и далее — лесенка нисходящих субкладов, то есть подчиненных гаплогрупп. Каждая образована своим характерным снипом, как указано на диаграмме, так что каждый субклад имеет все вышестоящие снипы, плюс свой характерный, который уже передается всем нижестоящим по наследству.

В Европу 10—9 тыс. лет назад пришел уже субклад M198, оставив в Азии два вышестоящих, плюс, наверное, много еще не идентифицированных. Ниже в цепочке снипов идут два параллельных — евразийская ветвь (Z283) и юго-восточная ветвь (Z93, образовалась 5700 лет назад), и арийская ветвь (L342.2) уже нижестоящая по отношению к юго-восточной. Она образовалась примерно 4900 лет назад, то есть, уже на Русской равнине или на подходе к ней. Ее дочерняя L657 образовалась на Русской равнине примерно 4050 лет назад, на подходе к Южному Уралу. Почти все индийские гаплотипы носят метку L657. Юго-восточная ветвь, Z93, мигрировала в период от начала IV и до середины II тыс. до н.э. с запада Русской равнины в направлениях на юг, восток, и юго-восток (см. карту).

Большинство этнических русских представлены центральной евразийской ветвью Z280 и ее многочисленными субкладами, на схеме не показанными.

В ходе миграции Z93, естественно, давал потомков, и у кого-то из них в ДНК образовалась характерная (и необратимая) мутация Z94, и его потомки уже несли снип Z94 с миграционным потоком. У кого-то из Z94 образовался снип L342.2, примерно 4900 лет назад, который по какой-то причине лучше других выжил, и сейчас является самым распространенным. 4475±400 лет назад этот снип проскочил в среду будущих евреев, видимо, на Ближнем Востоке, поскольку он же вошел и в среду будущих арабов. Видимо, будет правильным сказать, что этот снип, R1a-L342.2, его носителем, ушедшим с миграционным потоком на Ближний Восток, был передан бедуинам, которые в свою очередь дали начало евреям и арабам примерно 4000 лет назад.

Как было описано выше, в предшествующих главах этой книги, популяции арабов и евреев разошлись примерно 4000 лет назад, причем у них раскололись одни и те же гаплогруппы, видимо, по религиозным причинам, как известно из древних источников. Арабы свою гаплогруппу L342.2, исключительно субклад L342.2, сохранили, и эту гаплогруппу сейчас на Ближнем Востоке имеют от 3% до 9% арабов по разным регионам, больше всего в Ираке. Они включают такие знаменитые кланы Саудовской Аравии, как Куреш (Quraish/Quraysh), и согласно Корану пророк Магомет (Мухаммад)




Карта распределения юго-восточной ветви (субклад Z93) гаплогруппы R1a, построенная по данным мест жительства наиболее удаленных известных предков современных носителей субклада. Метки разных оттенков показывают родительский субклад Z93, башкир и киргизов, носителей субклада Z93 и его подгруппы L342.2 и подгруппы L342.2. На карте не показана многочисленная группа евреев, носителей L342.2, так как их общий предок жил всего 1300 лет назад, и этот снип у евреев приобретенный

родился в этом клане, также клан Al Tamini (Banu Tamim) и другие. Прослеживается явная связь в престижности кланов, сформированных ариями-R1a-L432.2 в Индии (высшие касты) и на Ближнем Востоке. Евреи гаплогруппы R1a (исключительно субклад L342.2) прошли бутылочное горлышко популяции, видимо, в ходе Рассеяния, и общий предок нынешних евреев-ашкенази группы R1a-L342.2 жил всего 1300±150 лет назад, в VII—VIII вв. нашей эры.

Последним в данной наследственной иерархии субкладов является L657, образованный примерно 4050 лет назад, в конце III тыс. до н.э. Его современные носители живут в значительной степени на Ближнем Востоке (Саудовская Аравия, ОАЭ, Катар, Кувейт, Бахрейн), а также в Казахстане, Пакистане, Индии.

На карте видно, что субклад L342.2 проходит полосой от Британских островов через Центральную Европу, Румынию, Балканы и Северное Причерноморье, и расходится на направления, ведущие через Анатолию дальше на юг, до Палестины, Саудовской Аравии и стран Арабских Эмиратов, Катара и Кувейта, а также на Индию и Иран. Часть представителей L342.2 видны в Зауралье, в южно-сибирской Хакассии.

Современных носителей субклада L342.2 в базе данных уже 289 человек, из них 141 евреев (генеалогию см. выше), 11 башкир и 9 киргизов. Остальные 128 современных носителей L342.2 указали своих предков в Англии, Шотландии, Голландии, Германии, Швеции, Финляндии, Литве, Венгрии, Румынии, Польше, Молдавии, Украине, России (из 8 человек двое из Карачаево-Черкесии, один с Северного Кавказа, и один татарин), Армении, Казахстане, Турции, Египте, Сирии, Палестине, Пакистане, Бангладеш, Афганистане, Индии и Шри-Ланке, Бахрейне, Ираке, Кувейте, Катаре, ОАЭ, Саудовской Аравии (в последней — 10% от всех), плюс «Арабского мира» (без указания деталей). В целом, среди арабов субклада R1a-L342.2 — 55 человек из 122 идентифицированных, то есть 45%. Если добавить южные и юго-восточные направления (Египет, Армения, Казахстан, Турция, Афганистан, Пакистан, Бангладеш, Индия, Шри-Ланка), добавится еще 26 человек, в сумме две трети от всех носителей L342.2. Остальная треть — Европа.

В самом нижнем субкладе, R1a-L657, образовавшемся примерно 4050 лет назад, как и ожидалось, Европы уже нет. Миграционный поток Z93 уже переместился на юг и юго-восток. Среди носителей снипа в основном жители стран Ближнего Востока и Персидского Залива — Саудовская Аравия (половина от всех), Бахрейн, Катар, Кувейт, ОАЭ, а также Казахстан, Пакистан, Индия. Похоже, что разделение миграционного потока произошло в конце III тыс. до н.э., и одна часть ушла на юг, к Персидскому заливу, другая — в Индостан. В целом это согласуется со временем разделения арийского языка на две ветви — митаннийскую и индоарийскую. Ирана мы здесь не видим, потому что 67-маркерных иранских гаплотипов вообще очень мало, и среди R1a они практически отсутствуют. Как, кстати, практически отсутствуют 67-маркерные гаплотипы Балкан, включая Сербию и другие страны бывшей Югославии, и Грецию. Поэтому информация о миграциях Z93, L342.2 и других субкладов этой ДНК-генеалогической линии на Балканы, к сожалению, пока отсутствует.

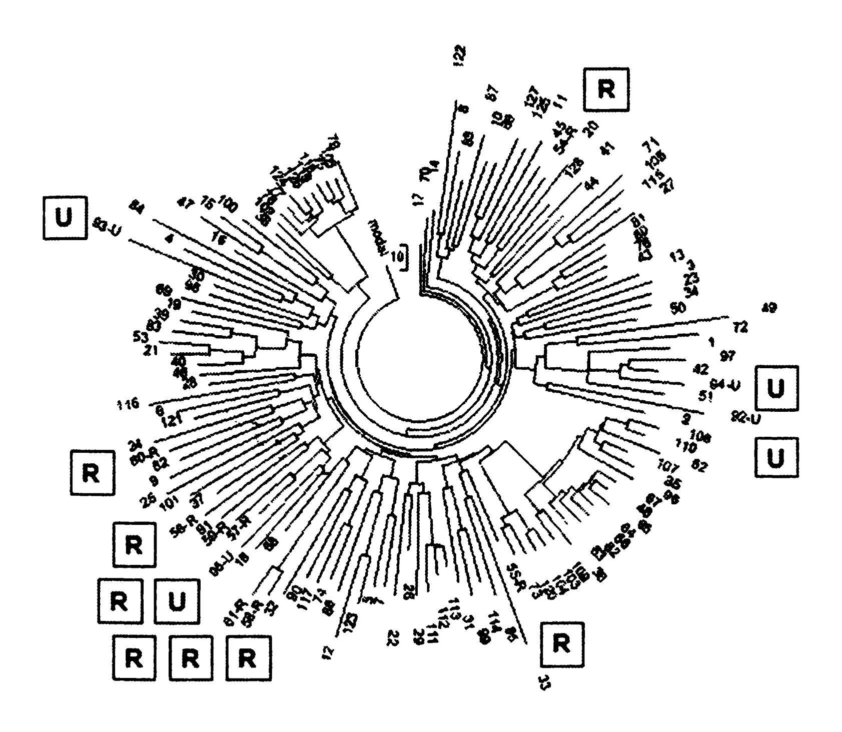
### *Возможное отношение рода (гаплогруппы) R1a-Z93-L342.2 к бабинской культуре и происхождению колесничества*

Представленный здесь материал показывает, что субклад L342.2 гаплогруппы R1a имеет определенные основания рассматриваться как основной субклад степных ариев и создатель боевого колесничества.

Во-первых, совпадают временные рамки субклада L342.2 и бабинской культуры. Расчеты времени жизни общего предка субклада R1a-L342.2 дают диапазон 4350±490 лет назад (по 67-маркерным гаплотипам) и 4050±460 лет назад по 111-маркерным гаплотипам. Это — конец III-го — начало II тыс. до н.э. Бабинская культура эпохи рубежа средней и поздней бронзы датируется на раннем этапе как XXII—XIX вв. до н.э., конец III-го — начало II тыс. до н.э.

Во-вторых, бабинская культура на раннем этапе, то есть при указанных выше датировках, охватывает степную и лесостепную зону междуречья Дона и Днестра. Импульс колесничных культур имел место с территории Доно-Днепровско-

го междуречья вдоль степной и лесостепной черноземной равнинной зоны в Подонье, Поволжье, Заволжье, Южный Урал, и, видимо, затем (или параллельно) в нижнее и среднее Подунавье. То есть это южная и центральная часть Русской равнины, на которой в настоящее время живут прямые потомки ариев, носителей бабинской культуры гаплогруппы R1a-L342.2. Это показано на дереве гаплотипов ниже.




Дерево из 128 гаплотипов гаплогруппы R1a-L342.2 в 67-маркерном формате. Гаплотипы восьми русских и четырех украинцев отмечены на дереве буквами R и U, соответственно, и дополнительно указаны на полях

Не вдаваясь в детали построения дерева гаплотипов, отметим только, что его строит специальная компьютерная программа, которая, в данном случае, принимая во внимание все

67 маркеров всех 128 гаплотипов (то есть суммарно 8576 маркеров), располагает их по максимально возможному принципу наследуемого родства. В итоге самые родственные гаплотипы образуют ветви на дереве. Например, довольно плоская небольшая ветвь на 11 часов вся состоит из Дугласов из Шотландии, хотя некоторые Дугласы (из США) из этой ветви отметили в базе данных, что их происхождение неизвестно. Далее, плоская ветвь на 4—5 часов — это ОАЭ, Катар, Кувейт, все они родственники, хотя некоторые из них об этом не знают, и указали, что «происхождение неизвестно», хотя имеют типичные арабские имена. Важно то, что русские и украинцы субклада L342.2 не образуют на дереве какой-либо выраженной ветви, а рассеяны по всему дереву. Это означает, что их ДНК-родословная восходит к самому общему предку всего дерева, и что субклад L342.2 происходит от древних поселений предков русских и украинцев. Современные жители Германии, например, в данном отношении вторичны, их номера на дереве (от 14 до 19) занимают только верхнюю часть левого крыла дерева. Тем более на роль первопредков L342.2 не могут претендовать предки современных жителей Ближнего Востока, Персидского Залива или Индостана, которые занимают только часть дерева гаплотипов.

В-третьих, носители L342.2 занимают самую большую часть высших каст Индии, причем эти касты сформировались немедленно после прихода в Индию ариев-L342.2.

В-четвертых, миграционные пути бабинской культуры и пути распространения боевых колесниц в целом совпадают с миграционными маршрутами и военными экспедициями ариев, носителей субклада R1a-L342.2.

Остановимся более подробно на том, что ДНК-родословная русских и украинцев субклада R1a-L342.2 восходит к общему предку всего дерева гаплотипов. Это важно для локализации «прародины» субклада и, возможно, прародины как бабинской культуры, так и колесничества. Как сообщалось выше, среди носителей снипа L342.2 были выявлены восемь русских и четыре украинца, которые указали в базе данных свои национальности и имена, и время жизни своих наиболее удаленных документированных (или по семейным легендам) предков. Поскольку эти данные внесены в открытую базу данных самими носителями L342.2, эта информация не является приватной. Сообщим имена и места житель-

ства их относительно недавних предков (обычно между XVI и XIX веком н.э.), в свою очередь возможных прямых предков носителей бабинской культуры и возможных создателей колесничества:

Орлов, Воронцов (Вятка), Абаза (Северный Кавказ), Ершов (Нижегородская обл.), Живаев (Москва), Темирболат (Северный Кавказ), Бостан (Северный Кавказ), Тазетдинов (Татарстан), Яценко, Сапалев (Запорожье), Константинов (Южный Крым), гражд. США украинского происхождения (Елисаветград, ныне Кировоград).

Для иллюстрации того, как анализируются гаплотипы и как число мутаций в них переводятся в хронологические показатели (датировки жизни общих предков серии гаплотипов), приведем простой пример серии гаплотипов 9 киргизов субклада R1a-L342.2. Пример простой, потому что общий предок этих девяти человек жил относительно недавно, всего 925±175 лет назад, и число мутаций в гаплотипах, накопившихся по сравнению с гаплотипом их общего предка, невелико. Вот их гаплотипы (для простоты приведем лишь первые 25 маркеров, хотя полный анализ проводился по 67 маркерам и 111 маркерам):

13 **26** **16** 11 11 14 12 12 10 **14** 11 17 — 15 9 10 11 11 **24** 14 21
31 12 15 15 16
13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 **10** 17 — **16** 9 10 11 11 23 14 21
31 12 15 15 16
13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 17 — 15 9 10 11 11 23 14 21
31 12 15 15 16
13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 17 — 15 9 10 11 11 23 14 21
31 12 15 15 16
13 25 15 11 11 **15** 12 12 10 13 11 17 — 15 9 10 11 11 23 14 21
**32** 12 15 15 16
13 25 15 11 11 14 12 12 10 **14** 11 **18** — 15 9 10 11 11 23 14 21
31 12 15 15 16
13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 17 — 15 9 10 11 11 23 14 21
31 12 15 15 16
13 25 **16** 11 11 14 12 12 10 13 11 **18** — 15 9 10 11 11 23 14 21
31 12 15 15 16
13 25 15 11 11 14 12 12 10 **14** 11 17 — 15 9 10 11 11 23 14 21
**32** 12 15 15 16

Каждое число здесь (аллель) — это количество повторов определенного фрагмента ДНК (Y-хромосомы), так называемые тандемные повторы. Эти повторы происходят в определенных участках Y-хромосомы, называемых маркерами, или локусами. Набор этих чисел называется гаплотипом. Иначе говоря, в первом (в данном гаплотипе) локусе (он имеет название DYS393) один и тот же нуклеотидный фрагмент повторяется у всех данных девяти человек 13 раз. Ясно, что это и есть предковая аллель, унаследованная всеми девятью потомками. Во втором локусе (DYS390) почти у всех аллель одна и та же, опять предковая, повторенная подряд 25 раз, и только у одного человека произошла мутация где-то на пути от общего предка до современности, и копирующий фермент ошибся и повторил нуклеотидный фрагмент 26 раз вместо 25. Эта мутация автоматически наследовалась потомками, так как копирующий фермент слепо (но иногда ошибаясь, в среднем, раз в тысячелетия) копирует то, что было в ДНК у отца. На больших массивах гаплотипов было многократно показано, что эти мутации происходят неупорядоченно, в химии и физике это называется процессами первого порядка.

Из этой серии гаплотипов легко найти, что предковый 25-маркерный гаплотип киргизов группы L342.2 имел вид:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 17 — 15 9 10 11 11 23 14 21 31 12 15 15 16.

Он воспроизвелся точно таким же у трех человек из девяти. Поскольку для 25-маркерных гаплотипов константа скорости мутации равна 0,046 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет), то есть происходит в среднем раз в 1/0,046=22 поколения (550 лет) во всем гаплотипе, то можно вычислить, когда жил общий предок всех девяти киргизов группы L342.2. Все девять 67-маркерных гаплотипов (константа скорости мутации 0,12 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет) содержат 39 мутаций от базового (предкового) гаплотипа, поэтому общий предок жил 39/9/0,12=36 условных поколений, что с поправкой на возвратные мутации составляет 37 поколений, или 925±175 лет назад.

Ясно, что примерно в XI веке н.э. этот субклад был привнесен в среду киргизов, и дал куст потомков. Есть и такая

возможность, что этот субклад был на самом деле привнесен в популяцию будущих киргизов в арийские времена, 4500—3500 лет назад, но популяция прошла «бутылочное горлышко», чудом выжила минимальным количеством потомков, и выживала единичными потомками до XI века, после чего пошла в рост. Выбор между этими альтернативами сделать трудно, и только ископаемые ДНК на той территории могут решить задачу.

Аналогично, у башкир на 11 67-маркерных гаплотипов приходится 66 мутаций от базового гаплотипа

13 **24** **16** 11 11 **15** 12 12 **12** 13 11 **18** — 15 9 10 11 11 **24** 14 **20**
31 12 15 15 **15**,

что дает 66/11/0,12=50→53 поколения, то есть 1325±210 лет назад, примерно VII век плюс-минус пара столетий. Столь большие погрешности определяются малым числом гаплотипов. Но видно, что предковый гаплотип башкир значительно ушел в сторону от киргизов, между ними — 9 мутаций. Это — много, и разводит их общих предков на 9/0,046=196→242 поколения, то есть 6050 лет. Это означает, что общий предок башкир и киргизов жил (6050+925+1325)/2=4150 лет назад. Это действительно арийские времена.

Возвращаемся к русским и украинцам субклада R1a-L342.2. Их 12 67-маркерных гаплотипов содержат 211 мутаций от базового гаплотипа, который на первых 25 маркерах умеренно похож на базовые (предковые) гаплотипы киргизов и башкир

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 17 — 16 9 10 11 11 24 14 20
32 12 15 15 16,

отличаясь на 5 мутаций от первых, и на 8 мутаций от вторых. Но мы уже видим, что предки русских и украинцев L342.2 намного древнее (11 гаплотипов башкир содержат 66 мутаций, а 12 славян — 211 мутаций). Это дает 211/12/0,12=147→172 поколения, или 4300±520 лет до общего предка русских и украинцев. Это — времена ранней бабинской культуры. Сравним это со всеми 128 гаплотипами, известными для субклада L342.2. Они все содержат 2270 мутаций от базового гаплоти-

па, который практически такой же, как и русских и украинцев. Это дает 2270/128/0,12=148→174 поколения (обратите внимание — то же самое, что у русских и украинцев), то есть 4350±440 лет до общего предка всего субклада L342.2. Вывод — русские и украинцы L342.2 находятся у основания субклада по времени его образования. Стоит обратить внимание, что по 20 67-маркерным гаплотипам, которые были в базе данных в начале 2012 года, расчетное время до общего предка составляло 354/20/0,12=148→174 условных поколения (по 25 лет каждое), или 4350±490 лет до общего предка этих 20 гаплотипов (см. выше). Иначе говоря, 20 гаплотипов или 128 гаплотипов дали полностью совпадающие результаты. Так и должно быть, если мутации неупорядочены, и гаплотипы достаточно перемешаны в популяции.

Что важно — эти времена и есть начало бабинской культуры, которую уже можно предварительно назвать культурой арийских колесниц. В этом отношении ДНК-генеалогия дело сделала, дальше — дело археологов это внимательно рассмотреть, и либо сформулировать вопросы для дополнительной проверки, либо такую концепцию ввести в научный оборот.

# Глава 5

# ФАНТАЗИИ ТИЛАКА О ПОЛЯРНОЙ ПРАРОДИНЕ АРИЕВ

На самом деле Бал Гандархар Тилак помещал родину ариев не только за Полярный круг, но и на Северный полюс. В названии этой главы я его положение несколько смягчил. Примеры ниже даются по книге «Арктическая родина в Ведах» (перевод Н. Гусевой, ФАИР-ПРЕСС, 2002, 525 с.). Некоторые цитаты:

- «... мы будем вынуждены признать, что родина предков ведического народа лежала вблизи Северного полюса...»;
- «арии не были автохтонами ни в Европе, ни в Центральной Азии — их исходный регион лежал где-то вблизи Северного полюса в эпоху палеонеолита»;
- «Эти характеристики (зорь — *А.К.*) могут относиться только к заре над полюсом или вблизи него»;
- «Ведическая заря — полярная»;
- «Здесь мы должны обратиться к цитатам из «Махабхараты», где дается такое ясное описание горы Меру — царя всех гор, что не остается места для сомнений в том, что это Северный полюс, или место, соответствующее его характеристикам».

Здесь мы должны на момент прерваться, и посмотреть, почему «не остается места для сомнений». А прервемся, потому что это выражение и его «обоснование» очень характерны для Тилака и его «теории». Это основывается на трех выдержках из Махабхараты, и четвертой — из «Тайттирийя Араньяке»:

1) «На Меру солнце и луна ходят кругами слева направо каждый день, и это же совершают звезды».

2) «Гора своим сверканием настолько превосходит мрак ночи, что ночь бывает трудноотличима от дня».

3) «День и ночь вместе равны году для обитателей этого места».

4) «То, что есть год, является единым днем богов».

И дальше на двух страницах Тилак проводит интерпретацию этих выдержек. При этом несколькими страницами ранее он честно пишет: «*Ведический календарь... или же ведическая мифология могут и не содержать прямых открытий, указывающих на арктическую родину...*» Но тут же пишет: «*Но под ними, при тщательном изучении или, так сказать, рядом с ними, можно обнаружить факты, которыми до сих пор пренебрегали...*» На самом деле, разумеется, речь не идет о ФАКТАХ. Речь идет о замысловатых интерпретациях, раз за разом подгоняющих любые ведические тексты к тому, что по всей книге повторяется как мантра: арии жили в Заполярье, вблизи Северного полюса или на Северном полюсе. Подгонка идет настойчивая и систематическая.

Итак, про гору Меру. Первое положение Тилак приводит, но не комментирует, и понятно почему. Я сейчас пишу эти строки, сидя на веранде в горах, и солнце идет своим кругом слева направо. Восходит, понятное дело, на востоке, что слева от меня, а заходит на западе, что справа. Что же здесь необычного или удивительного?

И дальше Тилак пишет: «*Указание на сверкание горы особо интересно, поскольку это, видимо, может быть описанием северного сияния, видимого в области Северного полюса*».

Неплохо, да? Другие варианты и не рассматриваются, а зачем, не так ли?

Относительно следующего положения Тилак пишет: «*В поствелической литературе мы... встречаем постоянно упоминаемую традицию описания дня и ночи богов по полгода длительности*», в том отношении, что это далеко не обязательно про Северный полюс. Это — традиция описания. Но вот в случае горы Мера — это непременно про Северный полюс. И дальше, про четвертое положение выше, Тилак пишет: «*Это настолько четкое указание, что нет места сомнениям в его смысле*». И дальше Тилак пишет, что это, видимо, единственное описание такого рода в ведической литературе, и он поначалу пришел к выводу, что это «*своеобразные описательные названия обычных дня и ночи*». А потом решил, что это «*обозначает наличие полярной родины в древ-*

*ности, и я продолжаю настаивать на выводах из указанного свидетельства»*.

Хотя тут же Тилак пишет: «*Ригведа не содержит прямых указаний на день и ночь, длящиеся по шесть месяцев*». Далее: «*А теперь посмотрим, содержит ли Ригведа прямые указания на долгий день, долгую ночь или циркумполярный календарь*». И отвечает: «*Календарь Ригведы содержит 360 дней с прибавленным для согласования месяцем, что не может относиться ни к полюсу, ни к циркумполярности*». Но тут же замечает, что тексты допускают интерпретации, «*которые не совместимы с днями во внеарктических областях*». Мне это напоминает известную былину, как известный герой сиднем сидел на печи тридцать лет и три года. Тоже не совместимо многое с чем, например, с отсутствием атрофии. Но есть былины и веды, которые можно интерпретировать как душе угодно, а есть наука.

Еще пример. Тилак приводит слова из Ригведы, о том, что бог Варуна использовал «*золотой слиток солнца как качели в небе*». В общем, образно и понятно. Как интерпретирует Тилак? «*Только в арктическом регионе солнце может напоминать качели в течение долгого дня*».

Неплохо, не так ли? Раз — и одним росчерком пера качели в небе превращаются в качели в небе на Северном полюсе.

Тилак находит в скандинавской мифологии слова про «сумерки богов», «*означающие время Одина и асов, или богов, когда кончается их власть, но не навсегда, а до времени их возрождения*». И Тилак пишет: «*Это показывает, что идея полугодовой ночи и дня богов принадлежит не только индоиранцам, но и индогерманцам и что она, значит, родилась на исходной родине ариев*». Стало быть, в Арктике. И далее Тилак пишет: «*Сравнительная мифология полностью поддерживает мысль об исходной арктической родине всех арийских рас*».

Вот такой уровень аргументации. Он, это уровень, пронизывает всю книгу, и мы ниже приведем достаточное количество примеров. Остается только удивляться, как столь несерьезные «обоснования» обратили в веру Тилака столь больше число людей за последнюю сотню лет. Причем, в основном, в России. Если посмотреть в англоязычную Википе-

дию, то во всей длинной статье про Тилака, который был индийским борцом-националистом против англичан, сидел в тюрьме, и является индийской знаменитостью — в его честь в Индии даже выпустили монету, во всей длинной статье про книгу и концепцию Тилака — всего три строки. На Западе теорию про ариев на Северном полюсе особенно и не вспоминают, это сугубо российский феномен. Видимо, как-то и почему-то востребовано. Неужели в России действительно, чем грубее слеплена идея или информация, тем она более активно воспринимается «массами»? И первоисточник никого особенно не интересует.

Ну что же, рамки расставлены, теперь можно вернуться к началу и продолжить по порядку.

Бал Тилак родился в 1856 году в семье брахманов, с детства знал санскрит, стал филологом, и в 1893 году опубликовал свою первую книгу «Орион, или исследования древности Вед». В ней Тилак опровергал выводы специалистов того времени, что Веды появились 4400 лет назад, и перенес дату возникновения Вед на 6500 лет назад. Это было обосновано положением звезд в созвездии Орион в период сложения гимнов Вед, что и отражено в Ведах. В 1903 году вышла его вторая книга, «Арктическая родина в Ведах», переведенная почти через сто лет на русский язык. В этой книге Тилак доказывал, что родиной ариев является арктический регион, Заполярье, или район в непосредственной близости к Северному полюсу. Понятно, что это не может быть сам Северный полюс, так как технически это географическая точка. Свои доказательства Тилак основывал на текстах Вед, на ведических гимнах. По времени Тилак якобы относил прародину ариев к периоду межледниковья, то есть ранее 20 тыс. лет назад, и что якобы последнее оледенение вытеснило ариев в Европу. Датировку периода межледниковья на самом деле он не дает, но в предисловии переводчик, Н. Гусева, относит это на период ранее 30 тыс. лет назад. Иначе говоря, это не фантазии Тилака, это фантазии Гусевой. Если это было бы так, то гаплогруппы R1a, к которой относят ариев, тогда еще не существовало (см. ниже). Правда, сам Тилак в предисловии к книге пишет: «*А если начало постледниковой эпохи относить к 8000 г. до н.э., то... изначальную жизнь ариев надо датировать, отодвигая ее от 4500 г. до н.э. к этой указан-*

*ной дате. Это и будет древнейший доведический период»*. То есть речь идет о 10 тыс. до н.э. Если так, то тогда говорить о теплом Заполярье — недоразумение, это выбивает всю основу книги Тилака, и арии 10 тыс. лет назад, как установлено, уже подходили к Балканам (см. ниже), продвигаясь по Анатолии. Никаких полярных сияний и дней-ночей по полгода они видеть оттуда не могли.

Если в двух словах описать книгу Тилака, то это — натяжки и противоречия.

Естественно, каждый волен думать как считает нужным. Но если знание облекается в научную форму, и к нему следует применять научные критерии, то, на мой взгляд, концепция Тилака полностью рассыпается. Рассыпается она как минимум по трем причинам. Первая — толкование гимнов Тилаком является сущей подгонкой под гипотезу. Вспоминается американская поговорка: «не путайте меня фактами, я уже настроился». Примеры даны выше и будут даны ниже. Второе — арии не пришли в Европу с ледником откуда-то с севера, они пришли в Европу по южному пути из Центральной Азии, и достигли Балкан примерно 9 тыс. лет назад. Третья — установлено, что арии относятся к субкладу (то есть подгруппе) гаплогруппы R1a-L342.2, установлено, что эта подгруппа возникла в Европе примерно 4900 лет назад, через 4 тысячи лет после прибытия R1a в Европу и расселения там. Родительская ветвь будущих ариев, под индексом Z93, возникла в Европе примерно 5700 лет назад. Через тысячу лет, после (или в процессе) образования своего субклада будущие арии двинулись на восток. Ветвь R1a-L342.2 в период 4900—4000 лет назад разошлась по разным направлениям — на юг, через Кавказ и Месопотамию до Сирии, стран Ближнего Востока, Аравийского полуострова; на юго-восток, до Средней Азии и далее на Иранское плато; на восток, до Урала, Зауралья, Восточной Сибири, и часть их них двинулась на юг и достигла Индии.

Фантазировать, повторяю, можно как угодно, но в науке для теории Тилака места нет. Нет для этой теории ровно никаких подтверждений, а интерпретации ведических гимнов так, как это делал Тилак, наука не принимает.

Как Тилак делал свои интерпретации — отчасти показано выше. Всех примеров не привести, их многие десятки. Но

схема везде примерно одна. Он начинает с того, что никто из специалистов эти выдержки из гимнов так не рассматривал, а их надо рассматривать именно так. При этом он соглашается, что это не есть прямые свидетельства, это интерпретации, но что якобы это наиболее правильные интерпретации. Других, альтернативных, он обычно не рассматривает. Это — паранаука, альтернативная наука, а на самом деле не наука вовсе. То, что Н. Гусева во введении в книге Тилака говорит о сходных словах санскрита и русского языка, приводит статьи С. Жарниковой, не имеют к «полярной родине ариев» никакого отношения. Кстати, Н. Гусева делает принципиальную ошибку, датируя расселение предков индоевропейцев в сторону Ирана-Индии временем около 9—8 тыс. лет назад. Она ссылается якобы на Авесту, но в известных текстах Авесты таких данных и датировок нет. Неужели нужно каждый раз ловить переводчика за руку? Данные, полученные по ДНК как современных потомков индоевропейцев, так и ископаемые ДНК указывают на южные и юго-восточные миграции «индоевропейцев» во временном диапазоне 5000—3500 лет назад (см. выше).

Понятно, что в 1903 году книга Тилака была новым словом. Но сейчас-то что? Откуда такое обилие отнесений к ней в сети? Сеть, правда, все заглотает, все вытерпит, но пора, наконец, и объяснить, что читать и обсуждать подобные сочинения надо с толком, понимая, где научные данные, а где натяжки и противоречия, и сопоставляя с тем, что об ариях известно сейчас. Никакого Северного полюса и Заполярья там нет. Слова Тилака «*изначальный дом ариев следует связывать с Арктикой и с межледниковой эпохой*» не выдержали проверку временем.

Перейдем к продолжению примеров и тех натяжек, которыми Тилак «обосновывал» «арктическую родину ариев».

Тилак пишет, что в Ригведе созвездие Большой Медведицы описывается как стоящее «*высоко*», значит, «*может быть видимо как бы над головой наблюдателя, что ясно говорит о такой возможности лишь в циркумполярном регионе*». На первый взгляд действительно, светила эти северные и из Индии видны только над низким краем неба. Но Тилак не рассматривает другие объяснения, хотя знает, что Ригведа создавалась не в Индии, а раньше. А из средних широт — Бал-

каны, Русская равнина — это созвездие действительно стоит высоко. Это — типичный пример натяжки, подгонки Тилаком под свою концепцию. Далее, Тилак подчеркивает, что в Ригведе написано — созвездие СТОИТ, а не ВОСХОДИТ, значит, якобы опять Заполярье. Правда, он тут же пишет, что *«к сожалению, в Ригведе мало таких пассажей, которые описывали бы движение небесной полусферы или звезд на ней»*. Но «доказательство», тем не менее, осталось.

Тилак цитирует Ригведу: *«О Ашвины, достигли конца мрака, теперь придите к нам по пути дэваяна»* (как поясняет Тилак, дэваяна — половина ведического года, другая половина — питрияна). Тилак интерпретирует: *«Можно предположить, что дэваяна и питрияна представляли собой изначально две половины года... как это бывает на Северном полюсе»*. И тут же пишет, что прямых указаний в Ригведе на это нет.

Особенно много внимания Тилак уделяет ведическим зорям. Он считает, что они имели место исключительно в Арктике. Основной довод — что они в гимнах красочно описаны, значит, в Арктике. Богиня зари Ушас восславляется в Ригведе в 20 гимнах и упоминается более 300 раз. Как пишет Тилак, *«нет никакой вероятности в предположениях, что ведические поэты могли так восторженно описывать быстро пролетающую зарю умеренной ... зоны или высказать столько беспокойства по поводу возможного прихода зари»*. Поскольку мы уже знаем, что арии не обитали в Заполярье, то можно только снисходительно относиться к уверенности Тилака, что ведические поэты просто не могли восхищаться зарей в средней полосе. Или, скажем, в горах Средней Азии.

Тилак считает, что в ведических гимнах *«богиня Ушас восходила длительно и постепенно»*. Значит — Заполярье. По мнению Тилака, слова «полный расцвет зари» могут относиться только к Северном полюсу. Но я могу возразить. Например, в Полинезии я был впечатлен зарей, которая медленно восходила из океана или из-за горы Бора-Бора. У меня остались десятки фотографий, которыми я пытался передать красоту медленно появляющейся зари. Я тогда и не знал, что Полинезия — это Северный полюс.

Вот еще пример интерпретации Тилаком. Он приводит три перевода одной и той же строфы из Ригведы тремя переводчиками:

*«— Как долог период, в течение которого встали зори? Как долог будет период их восхода? Желая принести нам свет, Ушас следует действиям тех, что прошли впереди, ярко сверкая. Идет с другими за ней.*

*— Как долго то время, когда они будут вместе — зори, которые светили, и зори, которые будут здесь светить потом? Одна тоскует о предшествующих зорях, жадно стремясь, и идет дальше вместе с другими, радостно сияя.*

*— Как велик промежуток, лежащий между зорями, которые взошли, и теми, что еще должны взойти? Ушас тоскует, стремясь за первыми, и радостно идет, сияя, вместе с другими».*

Толкование Тилака занимает страницу, вывод, естественно — «полярные условия».

Следующий пример — строфа в Ригведе, к которой Тилак (в переводе Н. Гусевой) дает полный, подстрочный перевод: *«Эти самые дни бывали многими, которые раньше восхода солнца, которыми как к любовнику идущая Ушас была видна не снова уходящей подобная».*

Толкование Тилака? Заполярье. А толкования другими исследователями «неверны», они не видят «естественного характера основы, природной сути».

Еще пример. Зори в Ригведе сравниваются с самыми разнообразными объектами и явлениями — это и с отрядом «воинов», и с «активными в своих занятиях женщинами», они появляются над горизонтом подобно «волнам вод», или «многим столбам, установленным для жертвоприношения», они двигаются как «мужи в строю», или как «стадо скота», они «взаимно подобны», «действуют гармонично», они «не враждуют друг с другом», живут все вместе «в одном доме». Толкование Тилака? *«Много зорь составляли на самом деле единую длительную зарю»*, значит, Заполярье.

И как финал: *«Первая заря, упомянутая в «Тайттирийя Самхите», была зарей начала творения»*. Вот как, не много, не мало. Арии, стало быть, наблюдали акт творения. Это можно не комментировать. Вывод данной главы у Тилака, что все эти зори могли *«относиться лишь к местам, удаленным на несколько градусов от точки Северного полюса»*. Думаю, что комментировать тоже не стоит, комментарии были выше.

Отдельная глава у Тилака посвящена тому, что гимны повествуют о долгих днях и долгих ночах, а значит — это

Арктика. Собственно, пишет Тилак, поскольку он выявил «*длительность ведических зорь*», то «*нет необходимости искать дальнейшие свидетельства присутствия в Ригведе указаний на наличие долгих дней и ночей*». Как эта длительность была «выявлена», мы уже увидели чуть выше. Но все-таки Тилак решил для убедительности привести и свидетельства длинных дней и ночей. Вот, например: «*В Ригведе много строк говорят о долгой и страшной тьме, скрывающей врагов бога Индры, тех, кого он должен уничтожить, борясь с демонами, или дасами, про крепости которых говорится, что они все скрыты во мраке*». Комментарии нужны? Видимо, на дневной период демоны свои крепости разрушали, а по ночам опять восстанавливали.

Или вот, тоже «убедительное» свидетельство: «*В одном гимне сообщается, что Вритра, традиционный враг Индры, окутан длительной тьмой*». Или вот: «*об Индре говорится, что он сбросил желавшего бороться с ним Шушну в темный провал, а в следующей строфе рассказывается о бессолнечном мраке (Макс Мюллер перевел это как «ужасный мрак»)*. Трактовка Тилака? Это — Заполярье.

Неужели это кто примет за свидетельства длинных дней и ночей, которые тогда должны быть в Заполярье? А вот надо же, принимают, и утверждают, что Тилак «убедительно показал, что арии жили вблизи Северного полюса».

С таким же основанием известное стихотворение Александра Блока «Я ношусь во мраке» можно истолковать так, что Блок носился вблизи Северного полюса:

Я ношусь во мраке, в ледяной пустыне,
Где-то месяц светит? Где-то светит солнце?
Вон вдали блеснула ясная зарница,
Вспыхнула — погасла, не видать во мраке,
Только сердце чует дальний отголосок
Грянувшего грома, лишь в глазах мелькает
Дальний свет угасший, вспыхнувший мгновенно,
Как в ночном тумане вспыхивают звезды...
И опять — во мраке, в ледяной пустыне...
Где-то светит месяц? Где-то солнце светит?
Только месяц выйдет — выйдет, не обманет.
Только солнце встанет — сердце солнце встретит.

Тилак приводит строку из гимна Ригведы «Да не накроет нас долгий мрак», и пишет: «Выражение, *примененное поэтом, «долгий мрак» дословно обозначает «непрерывное продление темных ночей», что более точно*». Да, конечно. Блоку это в голову, видимо, не приходило.

Все остальные примеры про «долгую ночь» такого же ранга. Это и просьба в одном из гимнов «*сообщить такую силу молящимся, которая провела бы их сквозь тьму*» (Тилак, естественно, читает это буквально, что это — полугодовая ночь вблизи Северного полюса»), бог Агни находился «*слишком долго в условиях слишком длительного мрака...*» Тилак это все упорно трактует в одну сторону, слово мрак для него не имеет ни другого значения, ни другой длительности, кроме как заполярные полгода.

Последующие главы книги Тилака включают подробный разбор разных вариантов санскритских слов, употребляемых переводчиками, чтобы показать, почему санскритский календарь содержит 360 дней с прибавленным для согласования месяцем, что не может относиться к Северном полюсу или Заполярью, и что консервативные жрецы храмов просто обязаны были сохранять традиции забытых лет. Правда, как сетует Тилак, почему-то не сохранили. Тилак эти традиции и искал в гимнах Ригведы, а как он искал и обосновывал — мы уже поняли. Описанный выше стиль продолжался и дальше — натяжки и упорное отсутствие других возможных объяснений. Естественно, в потоке иносказательных строф поэтических гимнов можно найти что угодно, но даже в этом случае Тилак время от времени признает, что «прямых указаний нет». Но это не мешает ему «сгибать» любые непрямые указания в сторону — опять — длинных зорь и длинных дней и ночей. Мы уже видели, как это делается, но в последующих главах этот стиль и подход продолжаются. Опять, выдержки типа: «*Индра отыскал солнце, скрытое в темноте*», как пишет Тилак, «*явно поддерживает эту точку зрения*». То, что «*Наагвы славили Индру в песнях и разбили плотно замкнутые стойла коров*» идет туда же.

Местами у Тилака идет «аргументация», которую кроме как акробатикой не назовешь. Так, Тилак нашел в одном из гимнов, что «*Навагвы воспевали* (приносили жертву) *в течение десяти месяцев*». Слова «в течение десяти месяцев»

у Тилака выделены жирным шрифтом, как самые важные, и являющиеся, по его мнению «*реликтовым воспоминанием о древнем годе, сохранившемся в литературе о жертвоприношениях*». Впрочем, Тилак пишет: «*Поскольку мрак, или период тьмы в десять месяцев астрономически невозможен где-либо на Земле, единственной допустимой альтернативой является утверждение, что Дашагвы и Навагвы приносили свои десятимесячные жертвоприношения при солнечном свете*». Казалось бы, вопрос закрыт, поскольку 10-месячного солнечного света на Северном полюсе нет. Но не тут-то было. Тилак продолжает: «*Значит, единственный вывод, который мы можем извлечь из всей этой истории насчет Навагвов и Дашагвов — это тот, что они приносили свои жертвы в течение 10-месячного периода солнечного света, после чего солнце скрывалось во тьму... Говоря короче, Дашагвы и Навагвы, а вместе с ними и все древние жертвоприносители расы, жили в регионе, где солнце было над горизонтом в течение 10 месяцев, а затем скрывалось, и начиналась ежегодная двухмесячная ночь*».

То есть все его заключения, что арии жили в заполярном регионе, где ночь и день длятся по полгода, уже отброшены. В очередной главе «Путь коров» Тилак уже пишет про то самое «*реликтовое воспоминание о древнем годе, сохранившемся в литературе о жертвоприношениях*».

Конечно, сравнить корову с «образом утренних лучей», или «с утренней зарей» — это надо поднапрячься, но Тилаку виднее. Он пишет — «*Об Индре говорится, что он освободил солнце и нашел коров; а Брихаспати выпустил коров, расколов скалу своим словом, убрал тьму и осветил небо. Что же может быть яснее?*» Действительно, ничего не может. Но про Заполярье как регион жизни древних ариев это опять же ничего не говорит.

В ряде мест, как это ни прискорбно, Тилак идет на откровенные подтасовки. Он пишет, что, как известно, старый римский год насчитывал десять месяцев (действительно, Децембр — это десятый), и далее пишет: «*Таким образом, десятимесячный год и двухмесячная ночь были известны ариям...*» Но у древних римлян это был весь год, а у ариев, по Тилаку, весь год был 10 месяцев плюс два. Вполне возможно, что у древних ариев год был десятимесячный, что и было

у древних римлян, но тогда «двухмесячную ночь» Тилак просто приписал для поддержки своей мантры про полярную ночь ариев.

Тилак находит в ведической литературе указания, что серии возлияний сомы древними ариями длились от одной до ста дней. Тилак полагает, что это искажение, внесенное теми браманами, кто не знали об арктической родине ариев, и что там должно быть «*от одной до ста ночей*», а это, оказывается, и есть прямое указание на арктическую родину.

Замечаете тот же стиль циклической аргументации? Исправить на основе своей теории, а затем сказать, что исправленное подтверждает теорию.

Выше уже отмечалось не только о натяжках, но и о противоречивости положений Тилака. Все эти его соображения о жизни ариев в Заполярье Тилак относил к временам, когда там было тепло. И только наступление ледников заставило ариев уйти на юг, в Европу. В предисловии к свой книге он пишет, что «*изначальную жизнь ариев надо датировать, отодвигая ее от 4500 г. до н.э. к дате... 8000 г. до н.э. ...Это и будет древнейший доведический период*». Мы знаем, однако, что 10 тыс. лет назад в районе Северного полюса и в Заполярье было вовсе не тепло, и все положения Тилака о «полярной прародине ариев» теряют смысл. Переводчик Н. Гусева старалась спасти ситуацию, и в своем предисловии «От переводчика» написала, что «*самих изначальных арьев, и их древнейшую религию... следует связывать с эпохой межледниковья, разделявшей два последних оледенения*», и тут же указала, что «*... последнее межледниковье закончилось около 30 тысяч лет назад*». Иначе говоря, Н. Гусева решила подправить Тилака. В аннотации книги она пишет: «*Последнее оледенение вытеснило арийские расы с севера на земли Европы*». То, что про «арийскую расу» писал Тилак, еще простительно; тогда, в начале века, понятия были другие. Но когда про «арийские расы» пишет доктор исторических наук десять лет назад, это уже странно. Так или иначе, Н. Гусева опять подправляет Тилака, что ариев вытеснил климат с севера не менее 20 тыс. лет назад. Иначе с теплотой на Северном полюсе никак не получается.

Но в главе «Ведические мифы о пленных водах» Тилак ясно пишет: «*Мы начали с рассмотрения вопроса о ночи бо-*

*гов, или дня и ночи по шесть месяцев длительностью, и обнаружили, что все это может быть прослежено вглубь к периоду индоиранской общности, если не к индогерманскому периоду»*. Иначе говоря, Тилак относил ариев на Северном полюсе к временам сравнительно недавним, не далее 4—6 тыс. лет назад. Налицо капитальное противоречие — более 20 тыс. лет назад ни о какой «индоиранской общности» или «индогерманской» речи быть просто не могло, а 4—6 тыс. лет назад, как и 10 тыс. лет назад, арии просто не могли жить в Заполярье или в районе Северного полюса.

В общем, давно понятно, что я продолжаю «пинать дохлую лошадь», фигурально говоря, и вопрос ясен. Можно было остановиться значительно ранее, но тогда кто-нибудь да скажет — критик рассмотрел только первые несколько глав, а самое основное и доказательное у Тилака в конце книги.

Я уже перевалил за половину книги, но приходится продолжать. Остальные главы книги Тилака посвящены мифологии. Он сам пишет: «*Предположительная ценность таких свидетельств явится более низкой по сравнению с вышеприведенными прямыми указаниями в текстах*». Какие у него были «прямые указания» — мы уже видели. Так что переходим в ранг свидетельств «более низкой ценности». Типа того, как пишет Тилак, что когда Ашвины спасли перепела Вартику из пасти волка, то это трактуется некоторыми исследователями как появление зари или свете из ночного мрака. Немалая часть главы трактует легенду, рассказывающую, что «*Вритра и Ахи окружили и захватили в плен воды*». Толкование этой легенды занимает у Тилака 56 страниц, и сводится к тому, что все другие толкователи толковали неверно, и на самом деле речь опять идет о заре, естественно, в арктическом регионе. Думаю, это не стоит и обсуждать.

Далее идет глава под названием «Ведические мифы об утренних божествах». Она опять начинается с того, что все толкователи этих мифов толковали неправильно, и... ну, в общем, ясно. Это занимает еще ровно 56 страниц, на которых интерпретируются мифы об участии Ашвинов в великой борьбе за воды и свет. Как читатель уже догадывается, никакого отношения к Арктике это на самом деле не имеет. Например, обсуждается то, что время появления Ашвинов «*называется ранней зарей, когда «мрак еще держится*

*среди рыжих коров*»». Ну где еще могут быть рыжие коровы? Понятно, что это, естественно, «*может удовлетворительно объяснить только арктическая теория*».

Следующая глава — предпоследняя, «Свидетельства Авесты». Как признает Тилак, одни исследователи Авесты считают, что она содержит наполовину исторические и наполовину мистические воспоминания об исходной родине и о тех странах, где создавались фаргарды (разделы Авесты). Другие считают, что никаких исторических указаний из фаргардов извлечь нельзя, и, как пишет Тилак, «*это взгляд, кажется, в основном теперь и принят*». Но тут же добавляет: это потому, что свидетельства в пользу арктической теории происхождения ариев были неизвестны. Далее Тилак рассматривает все 16 регионов, перечисляемых в первом фаргарде «Вендидада», и тут же упирается в то, что такое «Айриана Ваэджо» (которую переводчик переводит как «арийский рай», но обычно это переводится как «арийский простор»). Там, как отмечает Тилак, была суровая зима и снег. То, что это могли быть степи Русской равнины, или сама Русская равнина, он не рассматривает. Видимо, потому что с арктической теорией тогда можно было сразу заканчивать. После нескольких страниц рассуждений Тилак пришел, понятное дело, к тому, что «Айриана Ваэджо» была «областью Арктики».

Думаю, на этом можно заканчивать, потому что последняя глава под названием «Сравнительная мифология» сопоставляет ведические и авестийские мифы, с одной стороны, и европейские мифы, с другой, и ничего про арктическую прародину ариев не добавляют. Но поскольку Тилак обращает особое внимание на слова «зори», «солнце» и «мрак» в европейских мифах, то, понятно, все это он интерпретирует в сторону Арктики. Вот характерный пример, на основе славянского рассказа, выбранного Тилаком: «*Некогда жила пара пожилых людей, имевшая трех сыновей. Два из них были разумны, а третий, Иван, был глупым. И в земле, где он жил, не было никогда дня, но всегда царила ночь. Это был результат влияния змея, и Иван убил этого змея. Но тогда явился змей о двенадцати головах, но Иван убил и его и разрубил все его головы. И немедленно над этой землей засиял свет*». И Тилак делает вывод: «*Все такие легенды указывают на... долгую зимнюю ночь арктического региона*».

На этом, видимо, и стоит закончить. Надеюсь, что те, кто не знакомы с «теорией» Тилака, не станут тратить на нее время и внимание. Те, кто знакомы, но не читали его книги, подумают, как легко даже в наше время всеобщей информации поддаться на промывку мозгов. Те, кто читали книгу Тилака и поверили его «теории», тоже могут подумать над тем же, а также над тем, как они могли себя до такого довести.

При этом я вовсе не призываю не читать книгу Тилака. Напротив, она содержит массу интересной и полезной информации об астрономии, истории, геологии, о индийских ведах, об Авесте, дает переводы этих книг целыми кусками.

Только совет: читая книгу Тилака, надо хотя бы немного думать, и фильтровать, где полезная информация, а где неуклюжие интерпретации-фантазии автора и переводчика.

# Глава 6

# ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ И КУЛЬТУРНОЕ НАСЛЕДИЕ АРИЕВ ПО ВСЕМУ МИРУ — ОТ ТРИПОЛЬЯ ДО КИТАЯ, ТАИЛАНДА, И, ВОЗМОЖНО, АМЕРИКИ

Название данной главы не совсем отражает ее цель и направленность. В нем должны были быть слова «попытка догадаться», «ориентировочные идеи и представления», «загадки», но это удлинило бы и без того длинное название статьи.

Начнем с того, что лингвист Елена Миронова из Ростова-на-Дону собрала богатый материал и показала, что следующие культуры оставили сходную по виду и по орнаменту керамику:

— в Европе (Трипольская культура, 6500—5500 лет назад, территория к северо-западу от Черного моря до верхнего Поднестровья на западе и Поднепровья на востоке),

— в Юго-Восточной Азии (культура Бан-Чанг в северовосточном Таиланде, у границы с Лаосом, от 7400 [ранний период] до 3800 лет назад),

— в Китае (культура Яншао, в бассейне реки Хуанхэ, 8000 [ранний период] — 4000 лет назад),

— в Северной Америке (культура Анасази-Могольон, на стыке штатов Аризона, Юта, Нью-Мексико и Колорадо, от 7500 года до н.э. [архаический период] до Средних веков и настоящего времени).

Приведенные датировки не следует воспринимать буквально, поскольку в каждом случае имеется широкий диапазон от раннего периода до позднего, а в случае Северной Америки люди многократно изменяли место жительства, переходя с места на место в связи с изменением климата. Например, культуры бассейна Хуанхэ возникли еще 13 тыс.

лет назад, и мы не знаем, когда именно керамика стала походить на керамику других континентов. Культура Триполья-Кукутени тоже не на пустом месте появилась, а является частью праславянского ареала Винча-Тордош-Кереш-Кукутени-Триполье во временном диапазоне 8000—5000 лет назад. Более того, сходство керамики и других изделий выявляется у них с культурой Лепенского Вира, а это уже 10—9 тыс. лет назад. Так что суть здесь не в точных датировках, которые часто являются неопределенными, а в древности этих культур, которые, тем не менее, производили по сути одну и ту же керамику по рисунку, орнаменту, способу изготовления. Сходство удивительное — по меньшей мере, по 14 показателям, а сопоставление проводилось в целом по 40 параметрам.

Естественно, ожидать полного совпадения по 40 параметрам не приходится, но совпадение по 14 показателям не может быть случайным.

Итак, имеем задачу: как объяснить то, что столь удаленные культуры еще в древние времена производили по сути близкие к идентичности керамические изделия?

Варианты такие:

1. Изделия вовсе не идентичны, а совпадения случайны.

2. Изделия имеют общую технологию изготовления, оформление, раскраску.

Первый вариант давайте просто не рассматривать. Повторяю, что совпадения по 14 параметрам не бывает случайным. Есть много культур, в которых керамика совершенно другая. Если при более детальном изучении окажется, что совпадения случайны, то вопрос будет закрыт. Но сейчас, пока такого заключения нет (да и, наверное, вряд ли будет), рассмотрим возможные причины сходства керамики. Посмотрим, есть ли у этого сходства рациональное объяснение. В этом и есть смысл данного исследования.

Одно рациональное объяснение сводится к тому, что человек, имея сходные эстетические критерии и проходя путь сходных технологических навыков, создал независимо друг от друга сходные керамические изделия. Как, вполне возможно, создал дубину, научился воспламенять дерево, и изобрел колесо — независимо на разных континентах. Может такое

быть? Наверное, может. Но все-таки 14 сходных признаков ломают такое рациональное предположение. Тем более что мы на самом деле не знаем, насколько независимо были создания дубины, колеса и зажигание огня. Все-таки общий предок современных людей жил 64 000 лет назад, и эти люди тогда жили, видимо, компактно. Так что вполне могли обмениваться технологиями и изделиями в относительно небольшом регионе. Здесь же — разные континенты, многие тысячи километров между упомянутыми культурами.

Короче, давайте зададим главный вопрос: что, если все эти керамические изделия — продукты одного общества, одного рода? То есть одной гаплогруппы. Могло ли такое быть, и когда? Известны ли миграции одного рода между Трипольем и Китаем — Таиландом, и Северной Америкой многие тысячелетия назад? Когда эти миграции могли начаться?

Предварительный ответ: в принципе, такое быть могло. Гаплогруппа R1a зародилась в Северном Китае, то есть в районе Центральной Азии, примерно 20 тыс. лет назад. Но на 20 тыс. лет можно не фокусироваться, тем более данные приблизительные, а археологи относят ранние культуры бассейна Хуанхэ к временам 13 тыс. лет назад. Из региона возникновения гаплогруппы R1a ее носители продвигались на запад, через Тибет, Индостан, Иранское плато, Анатолию, и прибыли в Европу, на Балканы примерно 10—9 тыс. лет назад. Это и есть датировка Лепенского Вира с его европеоидными скелетами, сохранившимися практически полностью. Далее — трипольская культура, она же Триполье-Кукутени, 6500—5500 лет назад. Так что эта связка не противоречит древнейшим миграциям R1a из Китая в Европу.

Кстати, не надо принимать во внимание только вектор миграции, о котором выше шла речь. Вектор далеко не обязательно проходил на запад через Вьетнам, Лаос и Таиланд, чтобы Бан-Чанг оказался на пути миграции. Это могли быть боковые ответвления миграций, для которых могли понадобится еще тысячи лет, чтобы технология керамики оказалась в Северо-восточном Таиланде примерно 5—6 тыс. лет назад.

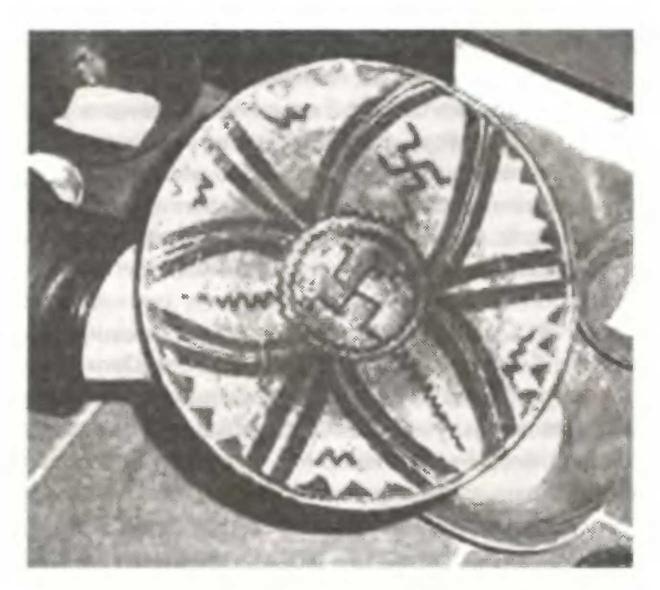
Можно, конечно, предположить, что технологию изготовления и орнаментализации трипольской керамики принесли в Китай и Таиланд древние арии, которые мигрирова-

ли — и мы это знаем — на восток во временном интервале 5000—3000 лет назад. Но достоверность этой гипотезы будет зависеть от датировки сходной керамики в Китае и Таиланде. Не датировки культуры, а именно датировки сходной керамики. Если это 6000—5000 лет назад, и даже 4000 лет назад, то это не европейские («индоевропейские») арии, для них слишком рано. Если это 3000 лет назад, то объяснение упрощается. Но все равно это гаплогруппа R1a, другого объяснения на сегодняшний день нет. Мы не знаем другой гаплогруппы, помимо R1a, которая могла бы связать Восточную Европу и Китай с Таиландом. Гаплогруппы I нет в Юго-Восточной Азии, гаплогруппы O нет в Восточной Европе, как практически нет там и юго-восточноазиатских гаплотипов гаплогруппы N, D или подобных. Наверное, можно придумать замысловатые экзотические варианты, но принцип Оккама мешает. Если в будущем появятся такие данные, их нужно будет принять во внимание. Пока — нет.

Итак, разумная гипотеза у нас уже есть, даже две, которые связывали бы Триполье, Лепенский Вир, Китай и Таиланд. Первая — миграции на запад и юг примерно 15—8 тыс. лет назад, древнейшие R1a. Вторая — миграции «индоевропейских» R1a на восток, с прибытием туда 4000—3000 лет назад.

Остается самое трудное — как встроить в эту схему Северную Америку? А она просто просит встроиться, и свидетельство тому — арийская свастика в культурах Северной и Южной Америки и в Триполье. Опять, скептик возразит, что свастика могла случайно быть придумана и в Южной Америке — у майя, и в Северной Америке, у индейцев Анасази и навахо, и в других индейских пленах (см. выше), и у ариев, и в трипольской культуре, и в культуре Бан-Чанга. Но так не бывает.

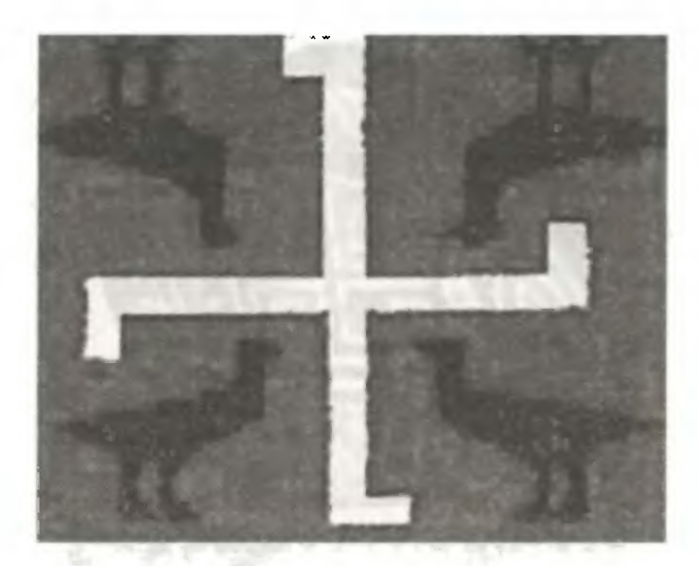
Сопоставление тарелки индейской культуры Могольон с тарелкой трипольской культуры показывает, что обе тарелки выполнены в монохромной традиции, на обеих свастика занимает центральное положение. В обоих случаях треугольники заполняют периметр тарелок. Отличия: на трипольской тарелке выписан также знак Триединого божества (трискелион) и дополнительная свастика, а на тарелке культуры Могольон изображены четыре ломаные спирали.



Свастика на тарелке трипольской культуры (слева). Виден также знак W или M, который воспроизводится на керамике культуры Бан-Чанг, и встречается среди знаков Лепенского Вира



Свастика на сосуде культуры Яншао (Китай) (справа) (Миронова, 2013)



Свастика индейцев навахо

Ложка индейцев Анасази со свастикой (Миронова, 2013)



Свастика на сосуде Анасази (Миронова, 2013)



Стилизованная свастика на тарелке культуры Могольон (Миронова, 2013)

Изображение свастики вполне обоснованно приписывается арийской культуре, этому вопросу посвящены масса публикаций в литературе, и это изображение пронесено тысячелетия назад с Русской равнины в Индию, и не только в Индию (чему тоже много иллюстраций в литературе). Ниже — лубок с изображением Алеши Поповича с девушками, конца XIX века (или авторство, или копия с более раннего изображения). На накидке у воина — свастика.



Свастика на вологодских кружевах. Это — традиционный, многовековой, если не многотысячелетний элемент славянской культуры, унаследованный от предков-ариев, и прекратившийся в 1930-х годах. Тогда он стал опасным и вел к аресту кружевниц и их начальства




Свастика на плече Алеши Поповича из шуточного лубка. Свастика — частый орнамент в русской культуре, унаследованный от предков-ариев



Рис. 021. Свастика в исламской мечети, тоже наследие ариев, гаплогруппы R1a. Эта гаплогруппа в настоящее время составляет до 9% среди арабов на Ближнем Востоке



Карта распространения свастики как характерного элемента древней культуры,
по данным Thomas Wilson, Curator, Department of Prehistoric Anthropology, U.S. National Museum. 1894

В книге Томаса Уилсона приводится множество изображений свастики из раскопок и других древних источников, в том числе свастики этрусков, индийцев, свастики из Латинской Америки (майя, а также из Никарагуа), свастики древних индейцев с территорий нынешних штатов Огайо, Арканзас, Канзас и др.

Вопрос: что, она там везде независимо и случайно оказалась? Это — крайне маловероятно. Во всяком случае, другую возможность, что свастика принесена во все эти регионы ариями, их предками или их потомками, никак нельзя исключать. Такую вероятность надо исследовать.

И глядя на карту, мы видим, что значительная часть отметок на ней — это уже известные миграционные маршруты (или маршруты военных экспедиций) ариев во временном диапазоне 5000—2500 лет назад. Это — продвижение с Балкан на восток по южной дуге, через Иран, Индию, Китай (не обязательно последовательно, но с ответвлениями передвижений), там же Алтай (к югу от Байкала), и далее по Дальнему Востоку, включая Сахалин и Японию (о миграциях R1a туда мы пока не знаем, но исключить никак не можем; айны?), Скандинавия, Египет и другие африканские территории западнее от него (но не к югу по всей остальной Африке, там свастика «случайно» придумана не была), в Исландии (но не в соседней Гренландии), и, наконец, в Северной и Южной Америке.

Могли ли R1a попасть в Америку в доколумбовые времена? Об этом есть только легенды, которые, насколько мне известно, не входят в арсенал «академической науки», но от того они не становятся неправильными или неверными. Есть легенды о викингах, достигших побережья Америки. Есть легенды о флоте Александра Македонского, который полностью пропал в Атлантическом океане, и который, как не раз писали, мог достичь берегов Америки. Есть легенды о китайских мореплавателях, совершивших путешествие в Америку. Как напоминает Е. Миронова в своей статье: «О том, что китайцы посещали американский континент, написал Жозеф де Гинь в 1761 г. в работе: «Исследования о плаваниях китайцев к американскому берегу и о некоторых народах, обнаруженных на восточной оконечности Азии», а в 1865 г. появилась

книга Густава д'Эшиталь «Исследования о буддийских истоках американской цивилизации» [Цит. по: Маслов А.А. Утраченная цивилизация: в поисках потерянного человечества. Ростов н/Д: Феникс, 2005]». Наконец, есть сведения о пропавшей английской колонии в США (см. ниже), но это всего 400 лет назад.

Так что попасть в Америку носители R1a в принципе могли. А что в этом отношении говорит ДНК-генеалогия? Наиболее прямой путь был бы изучить гаплогруппы американских индейцев, выявить гаплогруппу R1a, и по гаплотипам установить, насколько они древние, когда жил их общий предок. Но здесь есть несколько осложнений. Во-первых, не так много американских индейцев тестировали на ДНК, а уж на протяженные гаплотипы (например, на 67-маркерные) — и говорить нечего. В любом случае, доминирующая гаплогруппа у америндов — Q, и R1a идут лишь вкраплениями. Еще одно осложнение — что трудно разделить доколумбовые и послеколумбовые гаплотипы. Общий предок последних, тех, что попали в среду американских индейцев в последние 300—400 лет, мог в своей совокупности быть обычный европейский предок, который жил от 3000 до 5000 лет назад.

Только необычные, архаичные гаплотипы у индейцев могли бы показать на изолят гаплогруппы R1a в США, а именно изолят, попавший Америку тысячелетия назад. Но таких вообще может не быть. Например, все четыре гипотезы, приведенные выше — от викингов, от матросов флота А. Македонского, от китайцев (если это потомки ариев), и от пропавшей колонии — это все времена относительно недавние, максимум 2500 лет назад, а тогда гаплотипы их должны быть похожи на европейские. Если только китайцы — не потомки древнейших, автохтонных R1a, родом исходно из Центральной Азии, с Алтая или Китая. Тогда гаплотипы явно будут отличаться от типичных европейских. Правда, есть еще один путь — определение гаплогрупп-гаплотипов у древних скелетных остатков индейцев в тех регионов, где найдена свастика. Но на это пока рассчитывать не приходится.

Так что же все-таки с гаплотипами группы R1a у американских индейцев?

Относительно гаплогрупп, а значит, происхождения Y-хромосом в американских индейцах, есть факты и есть интерпретации. Факты заключаются в том, что в американских индейцах большая доля Y-хромосом неаборигенного происхождения, если аборигенными считать гаплогруппы Q и C. Неаборигенные гаплогруппы — это в первую очередь R (R1a и R1b), I, J, E, G, B. Все эти гаплогруппы найдены в американских индейцах. Три самые частые гаплогруппы — Q, R и C, в приведенной последовательности по мере уменьшения частоты. Они охватывают 95% Y-хромосом американских индейцев. Например, среди 588 индейцев во всех трех основных языковых категориях — алеуто-эскимосская, надене и америндская — на гаплогруппу Q приходилось 76% от всех, на гаплогруппу R — 13%, на гаплогруппу C — 6%. Остальные 5% — прочие, минорные гаплогруппы.

Интерпретации, в основном, сводятся к тому, что эти неаборигенные гаплогруппы принесены в среду американских индейцев после 1492 года, то есть после открытия Америки Колумбом, и среди ранних «забросов» — обитателями «пропавшей колонии» в Роаноке, нынешняя Северная Каролина, которые высадились числом более ста человек в 1587 году, и через три года бесследно пропали — или все погибли, или были ассимилированы индейцами. Некоторые публикации в общих терминах упоминают, что были возможны и более ранние контакты аборигенов с европейцами, но никто ничего конкретного не приводит.

И вот оказалось, что в 16 обследованных индейских популяциях, которые считали себя или «чистыми» индейцами, или, по меньшей мере, на три четверти (но по материнской линии, отцовские были индейскими), 47% семей имели европейские или африканские гаплогруппы. В 26 индейских популяциях северо-востока Канады доля неаборигенных Y-хромосом выявлена у 88% семей. Авторы предположили, что были ранние контакты этих племен с европейцами, причем «ранние» — это до 1780 года, до времени заселения европейцами тех мест. По данным тех же авторов, среднее содержание гаплогруппы R1b у американских индейцев составляет 73%.

Дальше опять идут интерпретации, которые варьируются в широких пределах — от тех, по которым у многих индейских племен было актом гостеприимства «выдавать» визитеру-европейцу «жену на ночь», и родившихся детей племя воспитывало, полностью принимая за своих, и до ранних, пре-колумбовых контактов американских индейцев с европейцами.

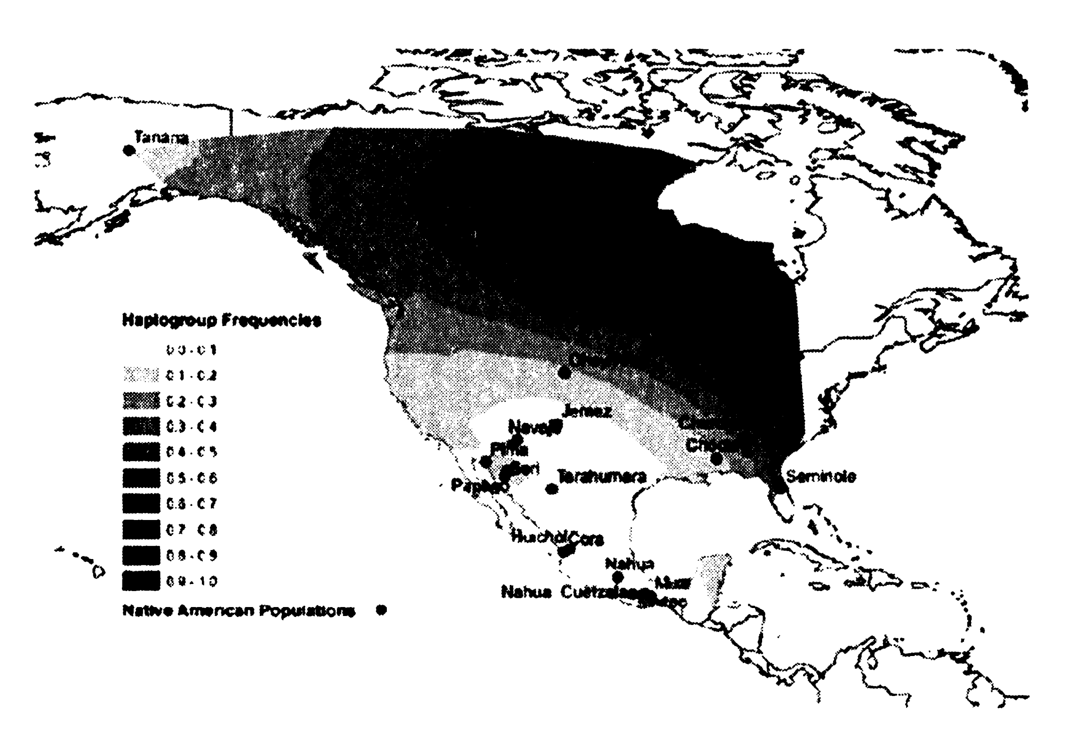
В племени Lumbee, которое является наиболее «подозреваемым» в ассимиляции «пропавшей колонии» Роанока (и которое, видимо, и эволюционировало из индейского племени кроатоан, описанного членами «пропавшей колонии»), в составе гаплогрупп среди 396 протестированных мужчин доминирует R1b (61%), на втором месте гаплогруппа I (15%), на третьем E1b (8%), на четвертом — R1a (3%). Иначе говоря, аборигенных индейских гаплогрупп там практически нет, менее 4%. Племя обитает на морском побережье Северной Каролины.

В Мексике почти исключительно гаплогруппа Q, а к северу ее доля постепенно падает. В Южной Америке среди аборигенов тоже большая доля гаплогруппы Q, причем очень древней, с общим предком примерно 16 тыс. лет назад. В юго-западной части США и в Мезоамерике, то есть на мексиканском перешейке, в 12 индейских племенах, включающих ацтеков, тарахумара, запотек, зуни и другие, была найдена почти исключительно гаплогруппа Q. В целом из 178 американских индейцев в этом регионе только у 14 (8%) были другие гаплогруппы — у восьми была P-M45 (древняя гаплогруппа, предшественник Q, видимо, принесенная из Сибири с первыми поселенцами в Америке), у трех R1-M173, и еще у трех — DE-M1, опять, очень древняя гаплогруппа.

Гаплотипы группы Q нас вряд ли должны интересовать в поисках пути свастики в Америку, если только это не древнейший символ гаплогруппы P, откуда свастика попала и в дочерние гаплогруппы — гаплогруппу Q и гаплогруппу R1a.

Гаплогруппы C у американских индейцев намного меньше, чем Q, и ее доля падает с северо-запада на юг. Эта гаплогруппа тоже вряд ли представляет для нас интерес в контексте настоящего исследования.

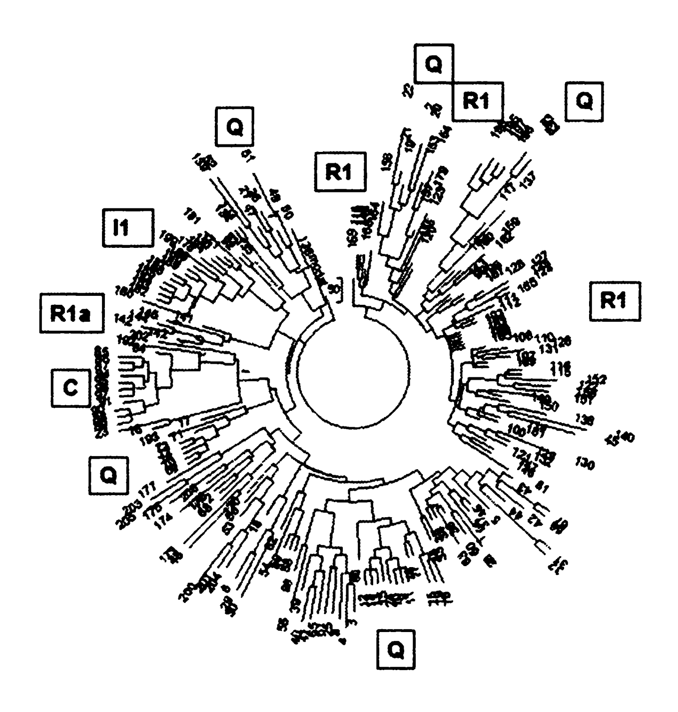
На следующем рисунке показано распределение гаплогруппы R. Это — сумма гаплогрупп R1a и R1b, и, наверное, R1, хотя доля второй резко превалирует, как будет показано ниже.




Распределение гаплогруппы R среди мужской части американских индейцев, в основном Северной Америки

В принципе, и Огайо, и Аризона, где была найдена древняя свастика, в зачерненные территории попадают, но это пока не может являться доказательством.

Распределение гаплогруппы R на рисунке выше, по меньшей мере, неожиданно. Можно было предполагать, что наибольшая плотность будет намного южнее, у индейцев чероки, которые активно смешивались с белыми поселенцами, особенно в 1830-х годах. По соображениям авторов исследования, столь высокое содержание гаплогруппы R у индейцев не может быть объяснено их относительно недавним «вливанием», в постколумбовую эпоху.

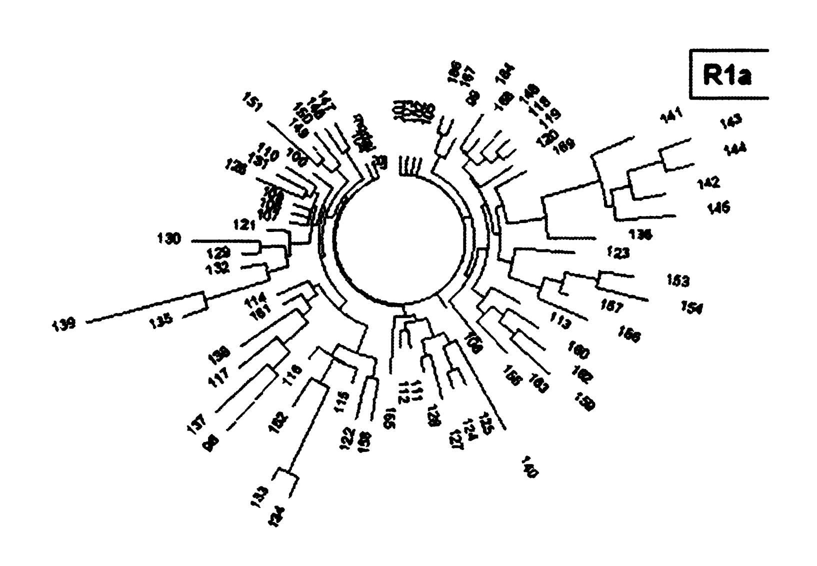



Дерево из 206 гаплотипов американских индейцев шести идентифицированных гаплогрупп: Q-M3 (1-50), Q-M242 (51-83), C-M130 (84-97), R1-M173 (98-169), P-M45 (170, 171), DE-YAP (172-175), «прочие» (176-206). Половина «прочих» гаплотипов на самом деле относятся к гаплогруппе I1 (см. текст)

Далее, при изучении 206 гаплотипов шести идентифицированных гаплогрупп американских индейцев из восточных регионов Америки, оказалось, что максимальная доля у них — гаплогруппы Q (83 человека), на втором месте — R1-M173 (72 человека), на третьем — гаплогруппа C-130 (14 человек), плюс минорные гаплогруппы. Соответствующее дерево гаплотипов приведено выше.

Расчеты по гаплотипам гаплогруппы Q показали, что их общий предок жил 10600 лет назад.

Переходим к гаплотипам группы R1a и R1b. В цитированной работе они не разделялись, и разделить их из общего списка «на глаз» весьма трудно. Их общее дерево гаплотипов дано ниже:




Дерево из 72 гаплотипов американских индейцев сводной гаплогруппы R1-M173

В целом, дерево очень гетерогенное, и не может свидетельствовать только о европейских гаплотипах. Скорее всего, там и азиатские древние R1b, и гаплотипы древнего субклада R1. Без определения субкладов там разобраться труд-

но. Некоторую подсказку дают шесть базовых гаплотипов дерева, сидящих непосредственно на «стволе».

13 24 14 11 11 14 X X 12 13 13 16.

Это — «классические» европейские гаплотипы, возраст которых обычно примерно 4500 лет. Но само дерево очень гетерогенное, и в нем представлены разные линии и разные субклады, часть из них имеют недавнего общего предка, часть — отдаленного. Суперпозиция их гаплотипов дает сложную картину дерева гаплотипов. Скорее всего, там много и доколумбовых предков гаплотипов, при такой гетерогенности.

В общем, вывод такой. Ничего особенно фантастического в том, что носители R1a могли быть в Америке в доколумбовую эпоху, нет, как и, соответственно, в том, что они могли принести древний арийский знак — свастику — американским индейцам. Это, так сказать, концептуальный вывод, и окончательным он быть никак не может. В этом направлении надо работать.

## Глава 7

# ГАПЛОТИПЫ ВОСТОЧНЫХ СЛАВЯН: ДЕВЯТЬ ПЛЕМЕН?

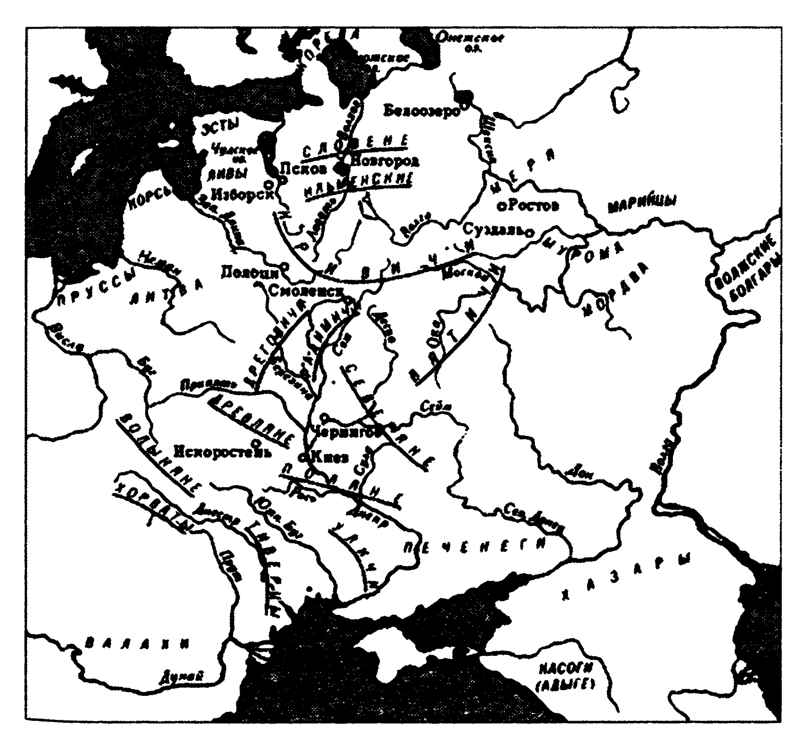
Все со школы помнят про полян и древлян. У всех на пассивном слуху вятичи и кривичи. Кое-кто вспомнит даже все полтора десятка основных древних славянских племен и племенных союзов. Их названия упомянуты, часто вскользь, в летописях — в «Повести временных лет», в Иоакимовской, Ипатьевской, Лаврентьевской летописях и других.

Все эти племена и племенные союзы относят к VIII—XII векам, после чего они вошли в состав Киевской Руси или Новгородской Руси, по соответствующему месту их нахождения, и прекратили самостоятельное существование. Если двигаться с северо-востока на юго-запад, то имеем такую картину: ильменские, или новгородские словене (которые составляли основное население Новгородских земель), далее полочане и их потомки (по сообщению «Повести временных лет») кривичи, причем кривичи были, как минимум, смоленские, изборские и северные, к юго-востоку от них, на средней Оке и до верховьев Москвы-реки — вятичи, к югу — радимичи и дреговичи, далее к юго-востоку, к Курской области — северяне, что к северу отношения никакого не имеет. Оттуда — названия Северский Донец, Северская земля и Новгород-Северский.

Вокруг Киева — поляне, к западу Киевской области — древляне, еще чуть западнее — волыняне и бужане, потомки дулебов, живших там с VI века, хотя в отношении кто чей там потомок и с какого времени там жили дулебы — согласия между историками нет. Про пражско-корчакскую и луки-райковецкую археологические культуры мы, пожалуй, здесь не будем. К югу от полян, по Южному Бугу вплоть до Чер-

ного моря — уличи, к западу от уличей, между Днестром и Прутом — тиверцы, а между тиверцами и волынянами — белые хорваты. Их не стоит путать с другими белыми хорватами, западнославянскими (чешскими). Эти — восточнославянские.

Вот, пожалуй, и все, если не вдаваться в детали. Для тех, кто хочет в детали, в конце книги небольшой, но важный список литературы, не считая летописей и капитальных трудов С.М. Соловьева, Н.М. Карамзина, В.О. Ключевского по истории. Естественно, по некоторым племенам есть богатый археологический материал — типы захоронений, курганные культуры, устройство жилых и хозяйственных построек, предметы утвари, женские украшения, наконечники копий и прочее.




Карта древних славянских племен VIII—XII вв. н.э.

Но вот относительно их происхождения — сплошные догадки. Историкам неясно разделение между восточнославянскими и финно-угорскими племенами, между балтами и восточными славянами. Откуда эти племена пришли — непонятно, как и — кто из них куда перешел. Кто полагает, что пришли с Карпат, кто — с Дуная, кто — с Северной Польши, кто — с озера Балатон, кто — вообще от иллирийцев. Привлекают хазар, евреев, скифов, печенегов, половцев, гуннов, сарматов, норманнов. Ну, и, естественно, предлагают поскрести и найти татарина.

И тут появляется ДНК-генеалогия.

Главное ее положение в том, что Y-хромосома, она же мужская половая хромосома, передается исключительно от отца сыну, и женщины на нее не влияют.

То есть в отличие от генов, которые в каждом поколении перетасовываются за счет почти равного вклада матери и отца, Y-хромосома передается по мужской цепи поколений почти неизменной. А «почти» — потому что в ней происходят мутации с определенной средней скоростью, так что в Y-хромосоме современников со времен Киевской Руси набежали мутации, а сколько — можно легко вычислить и предсказать. И сравнить для проверки — а сколько на самом деле набежало.

Короче, если те из нас, кто происходит от восточных славян, проведут тестирование своих ДНК, а точнее, своей Y-хромосомы, то каждый получит как минимум два типа информации. Первая — это какая картина, рисунок мутаций в хромосоме, а точнее в заранее выбранных и изученных маркерах Y-хромосомы. Этот рисунок имеет свое четкое количественное описание. Если рисунок существенно разный — то и племена разные. Иначе говоря, разные предки рода, или даже совсем разные рода. Угро-финны — один род (и в нем есть свои семейства). Восточные славяне — совсем другой род, с совершенно другой историей, другими предками, другой картиной мутаций. Евреи — совершенно отличающийся род (на самом деле — группа родов), опять картина мутаций другая. Западноевропейские кельты — опять род совершенно другой. И так далее, родов в ДНК-генеалогии — десятки, и все совершенно четко идентифицируются и отличаются друг

от друга. Эти рода называют в ДНК-генеалогии гаплогруппами, а их подрода — субкладами. Они — как матрешки, только их десятки и сотни.

Второе — если взять ДНК нескольких человек, то у каждого картина мутаций будет несколько другая, даже если род один и тот же. И понятно почему. Потому, что мутации от общего предка разбегаются по генеалогическому древу. И в каждой ветви, в каждой генеалогической линии — несколько своя картина мутаций. Проскочила у моего дяди в ДНК мутация — она уже будет всегда передаваться его потомкам. А если у моего отца (брата дяди) проскочила другая мутация, она есть и у меня. А мутации дяди у меня, понятно, нет. То есть шанс есть, но очень мал. А уж чтобы комбинация мутаций совпала — шанс еще меньше. Мутации происходят в маркерах со средней скоростью раз в 500 поколений, то есть реже, чем раз в 10 тыс. лет. Так что если выбрать для тестирования один какой-то маркер в ДНК, то со времен Киевской Руси мутаций не будет. Точнее, на десять человек есть шанс получить в маркере одну мутацию. А есть шанс не получить.

Поэтому мутации проверяют не в одном маркере, а в нескольких. Набор маркеров называется гаплотипом. Например, для гаплотипа из 17 маркеров средняя скорость мутации в среднем уже раз в 29 поколений, то есть в 725 лет (скорости мутаций калибруются для поколений с заданной продолжительностью 25 лет на поколение, так что термин «поколение» здесь скорее математическая величина, а не бытовая категория). А для гаплотипа в 111 маркеров одна мутация происходит в среднем раз в 5 поколений. Итак, сделав анализ ДНК, мы можем узнать, к скольким разным родам-племенам принадлежали наши предки, и когда, в какие времена они жили.

Приступаем.

Не так давно были опубликованы результаты тестирования 539 жителей двенадцати областей Российской Федерации: Архангельской, Брянской, Ивановской, Липецкой, Новгородской, Орловской, Пензенской, Рязанской, Смоленской, Тамбовской, Тверской и Вологодской. Как принято у специалистов, жителей отбирали не абы как, а только

тех, кто не менее трех поколений жил на этой территории (то есть отец, дед, мать и бабушка родились в данной области), чтобы все четверо предков были этническими русскими, и чтобы родной язык был русским, и чтобы тестируемые не были родственниками по крайней мере в третьей степени родства. Это — стандартные требования в исследованиях такого рода.

Далее, были сделаны специальные ДНК-генеалогические тесты на принадлежность к определенным родам. Основные рода в ДНК-генеалогии обозначают индексами от A до T, то есть основных родов на Земле двадцать, плюс еще несколько сотен подчиненных родов, субкладов. Большинство европейцев принадлежат к роду R, в котором большинство разделяются между восточными славянами R1a и западноевропейцами R1b. Финно-угры часто относятся к роду N1, в основном к его подгруппе N1c1, наряду с южными балтами, а более ранние подгруппы N1a и N1b занимают китайцы и сибиряки и их потомки.

Посмотрим, что получилось.

Из 539 человек 257 оказались восточными славянами, гаплогруппа R1a. Это — 48% от всех русских по данной выборке. Данная цифра воспроизводится от выборки к выборке, и совсем недавно была опубликована независимая работа других авторов, в которой ДНК тестировали у 1228 русских, и нашли, что гаплогруппу R1a имеют 567 человек, то есть 46%.

На втором месте по численности — южные (I2) и «евразийские» славяне (объединены), гаплогруппа I. Их 118 человек, то есть 22%. В той работе с большой выборкой из 1228 человек на севере России, в средней полосе и на юге носителей гаплогруппы I, соответственно 12, 17 и 21%.

На третьем месте — южно-балтийские славяне, N1c1. Их среди этнических русских 76 человек, то есть 14%. В той большой независимой выборке их от 36% на севере России до 16% в средней полосе и 10% на юге. Так что в целом данные по выборкам согласуются.

Остальные русские распределились по восьми минорным гаплогруппам, от 5% (R1) до доли процента (C, монголь-

ская, два человека из 543, то есть 0,4%). В большой выборке потомков монголов среди русского населения было и того меньше, 2 человека из 1228, то есть около 0,2%. Это опять говорит о том, что я подчеркивал не раз в своих работах — что нашествие XIII века и последующие события практически не оставили монгольского следа в генофонде русских. Либо там монголов на самом деле не было, либо просто не оставили, как факт.

На этом выводе по распределению гаплогрупп по территориям авторы обеих работ остановились. Нет, конечно, там было еще много соображений по тенденциям распределения гаплогрупп с севера на юг и с запада на восток, но до скоростей мутаций маркеров и гаплотипов дело не дошло. Это уважаемые ученые еще не освоили.

Попробуем им помочь. Выберем для анализа восточных славян, с гаплогруппой R1a. Во-первых, их большинство, во-вторых, я сам к ним принадлежу. Антропологически — я, видимо, ильменский словен. Он же новгородский. А по последним 14 поколениям — курский.

Ясно, что за времена, прошедшие от Киевской и Новгородской Руси, ждать сохранения славянских племен и племенных союзов на своих землях не приходится. Иначе говоря, проводить анализ гаплотипов по областям не имеет большого смысла.

Трудно ожидать того, что кривичи, дреговичи или радимичи так и продолжают компактно жить на своих территориях. Мясорубка российской истории перемолола и перемешала эти племена более чем основательно. Один XX век чего стоил — войны, переселения, ссылки, раскулачивания, служба в армии, гигантские передвижения масс не могли не привести к перемешиванию племен и их потомков. Две мировые войны сдвинули с места миллионы людей, миллионы погибли, миллионы оказались в плену, миллионы в эвакуации, ссылках и лагерях.

Так и получилось. Разбег мутаций в гаплотипах и соответствующие формальные (и довольно бесполезные) расчеты показали, что времена обитания «общих предков» восточных славян по областям довольно схожи:

Пензенская — 4100 лет назад;
Липецкая — 4650;
Тамбовская — 3225;
Орловская — 3725;
Брянская — 5300;
Рязанская — 4875;
Смоленская — 4100;
Тверская — 5450;
Ивановская — 3950;
Новгородская — 3850;
Вологодская — 4175;
Архангельская — 5150.

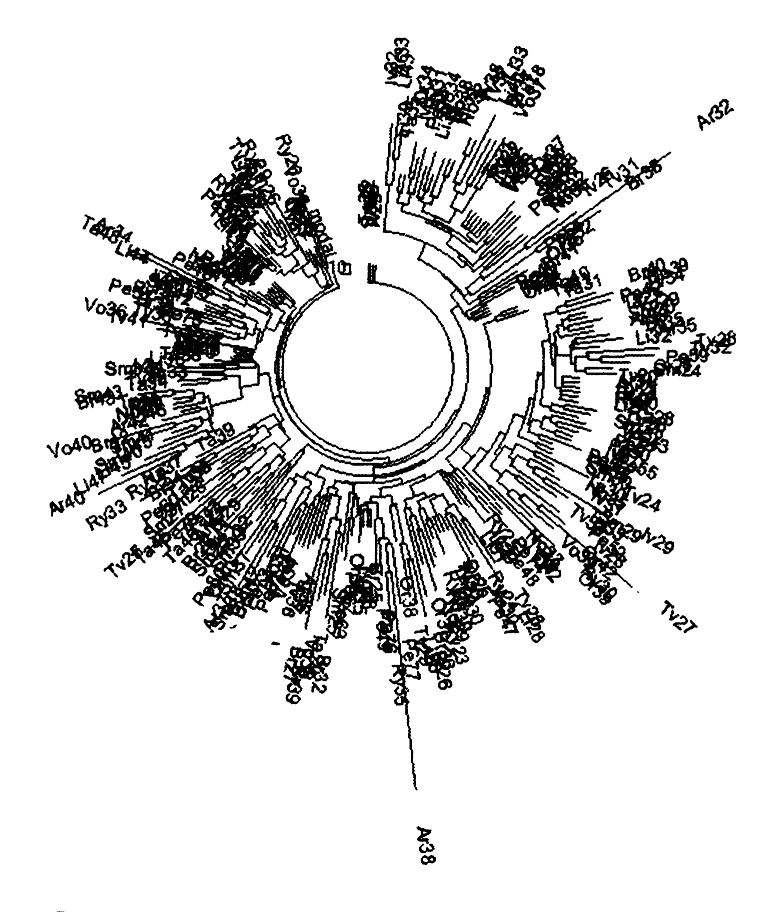
Я привожу здесь эти данные с такой нереальной точностью только чтобы показать, как «гуляют» результаты расчетов. В среднем получается 4380±700 лет назад. Можно было, конечно, написать «между 3200 и 5400 годами», и тоже было бы примерно правильно. Но что конструктивного бы это дало? Ведь сами потомки-то древних племен должны быть среди нас, и они должны различаться картиной мутаций. Племена все-таки сотнями, а то и тысячами лет жили раздельно, поэтому по ДНК должны различаться.

Так оно и оказалось.

Когда все 257 гаплотипов восточных славян, группа R1a, были нанесены на дерево гаплотипов, которое сортирует гаплотипы по характеру мутаций, все гаплотипы разошлись по девяти ветвям.

Ниже показаны соответствующие 17-маркерные предковые гаплотипы этих племен. Я, естественно, не знаю, какие гаплотипы относятся к какому племени или союзу племен. Более того, совсем не исключено, что два племени имели один и тот же предковый гаплотип, хотя это не очень вероятно, если они жили раздельно веками, а то и тысячелетиями. А то, что жили раздельно тысячелетиями — уже видно из цифр возраста общих предков по областям, приведенных выше.

Славянская, точнее, праславянская история НАМНОГО глубже, чем полагают историки. Славяне ведь не на пустом месте появились.




**Дерево из 257 17-маркерных гаплотипов этнических русских гаплогруппы R1a по двенадцати областям Российской Федерации. Резко выделяющиеся гаплотипы Ar32 и Ar38 попали в список у автора работы (и на построенное мной дерево) ошибочно, они относятся к другим гаплогруппам. Я не стал их снимать, чтобы показать, насколько дерево чувствительно к «чужакам»**

Но пока о самих гаплотипах. Как легко заметить, все девять предковых гаплотипов разные. Каждый из девяти предковых гаплотипов лежит в основе от двадцати до сорока гаплотипов современников. Как и ожидалось, никакой системы в распределении их по областям России нет, все перемешаны. А вот по ветвям, фактически генеалогическим линиям, племена разделились.

16-11-14-13-30-**24**-11-11-13-14-11-10-20-**15**-15-23-11

16-11-14-13-**29**-25-**10**-11-13-14-11-**11**-20-16-**17**-23-11

**15**-11-14-13-30-25-**10**-11-13-14-11-10-20-16-**16**-23-11

16-11-**15**-13-**31**-25-11-11-13-14-11-10-20-**15**-15-23-11

16-11-14-13-30-25-**10**-11-13-14-11-10-20-16-15-23-**12**

**17**-**10**-14-13-30-25-**10**-11-13-14-11-10-20-16-**16**-23-11

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-**11**-20-16-**16**-23-11

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-**12**

16-11-**15**-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-**15**-15-**24**-11

Теперь — очень важная особенность ДНК-генеалогии. Все эти предковые гаплотипы происходят каждый от одного первопредка, тоже за счет мутаций. Отправился древний потомок на новые земли, поселился там, дал потомство. Если его потомство выжило, то мутации в потомках идут уже от него, ИХ непосредственного предка-путешественника. И вот таких путешественников — от которых выжило потомство до наших дней — было девять, от них и пошли девять восточнославянских племен. Каждый из них начинал на новом месте. Если бы они просто продолжали генеалогическую линию первопредка, никуда не перебираясь — то не было бы перехода на новый предковый гаплотип. Новый предковый гаплотип — это фазовый переход. Это прохождение «бутылочного горлышка» популяции. Вот так, как если бы из пилигримов, прибывших в 1620 году в Америку на корабле «Мэйфлауэр», остался один человек, давший выжившее потомство, он бы и стал предком новой популяции. И гаплотипы потомков сходились бы к нему.

Иначе говоря, нет сомнения, что были как минимум девять славянских племен. Каждое со своим предком. Потому что более 250 гаплотипов современников, восточных славян, сходятся именно к этим девяти. Нельзя, конечно, исключить, что есть потомки и других племен, которые не попали в эту

выборку, но вероятность этого относительно невелика. Данная работа — только начало исследования.

Расчеты показали, что сами предки девяти славянских племен жили, соответственно, 3700, 3200, 3325, 3375, 3525, 2025, 3375, 2300 и 2225 лет назад. Это — время «основания» восточнославянских племен. Из них первое по времени, которому 3700 лет, попадает во временной период основания Аркаима и «страны городов» на Южном Урале, перед их миграцией в Индию примерно 3600 лет назад. К этому племени относится и мой гаплотип. Теперь понятно, почему мой гаплотип на дереве гаплотипов рода сидит в окружении индийских гаплотипов того же рода R1a, на одной ветви с ними.

Теперь о том, какой же был гаплотип у первопредка и когда он жил. Первопредковый гаплотип — это тот, который минимально отличается от всех других. Он — следующий:

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-11.

Это — тот самый предковый славянский гаплотип, который описан в первой главе настоящей книги, и общий предок которого жил 4900 лет назад. Только там этого гаплотип давался в 111-маркерном варианте, значительно более современном:

**13 25 16 11 11 14** 12 12 **10 13 11 30** — **15** 9 10 11 11 24 **14 20**
32 12 15 15 16 — 11 **11** 19 23 **16** 16 18 19 35 38 14 **11** — 11 8
17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12
11 13 11 11 12 13 — 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12
11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 24 12
**23** 19 10 15 17 9 11 11.

В нем выделены те самые 17 аллелей предкового славянского гаплотипа группы R1a.

То есть это точно такой же гаплотип. Представляете, для определения своего 111-маркерного гаплотипа сотни добровольцев со всех концов России, Украины, Белоруссии, от Буга до Тихого океана, сдали образцы своих ДНК на анализ, заплатив за анализ деньги. В 17-маркерном варианте — сугубо научная выборка из 257 гаплотипов по всем правилам, только у ученых средств мало — платить за протяженные гаплотипы, ведь анализ каждого маркера стоит денег, и потому

только 17 маркеров, а получилось в принципе одно и то же. Причина проста — за тысячелетия гаплотипы в России перемешались так, что выборки стали вполне однородными. Нет у нас таких гор, чтобы за ними можно было спрятаться от войн, от воинских призывов, от раскулачиваний, от арестов и ссылок, да еще на протяжении почти 5 тыс. лет.

А какой возраст общего предка дает серия 17-маркерных гаплотипов? Поделюсь в крайне упрощенном варианте, как считаются времена жизни общих предков популяции. Все 257 гаплотипов содержали 1395 мутаций от приведенного здесь предкового, или как его называют, базового гаплотипа. То есть в среднем это 1395/257=5,428 мутаций на гаплотип. Скорость мутации откалибрована, выверена, и равна 0,136 мутации на столетие, или 0,034 мутации на условное поколение в 25 лет. Только при временах до предка больших чем 575 лет нужно вводить специальный поправочный коэффициент, потому что при более протяженных временах мутации начинают проскакивать и в обратную сторону, то есть сами себя аннулировать, как будто их и не было. Поправочные таблицы известны и опубликованы в научной печати.

Итак, если за столетие в гаплотипе набежит в среднем 0,136 мутаций, а у нас в славянских гаплотипах набежало в среднем 5,428 мутации на гаплотип, то для этого понадобится 5,428/0,136 = 39,90 столетий, то есть 3990 лет, но пока без поправки на возвратные мутации. С табличной поправкой будет 4750±490 лет до общего предка. А 67-маркерные и 111-маркерные гаплотипы дали примерно 4900 лет до общего предка. Разница — 3%.

Вот в этом сила ДНК-генеалогии. Разные люди, разные серии гаплотипов, разные выборки, разные форматы гаплотипов, а результат тот же самый. Потому что объективные, надежно измеряемые показатели.

Теперь, внимание. Поскольку мы уже знаем много о европейских ветвях гаплогруппы R1a, попробуем более точно оценить, что это были за девять славянских племен, как они соотносятся с современной классификацией субкладов и ветвей гаплогруппы.

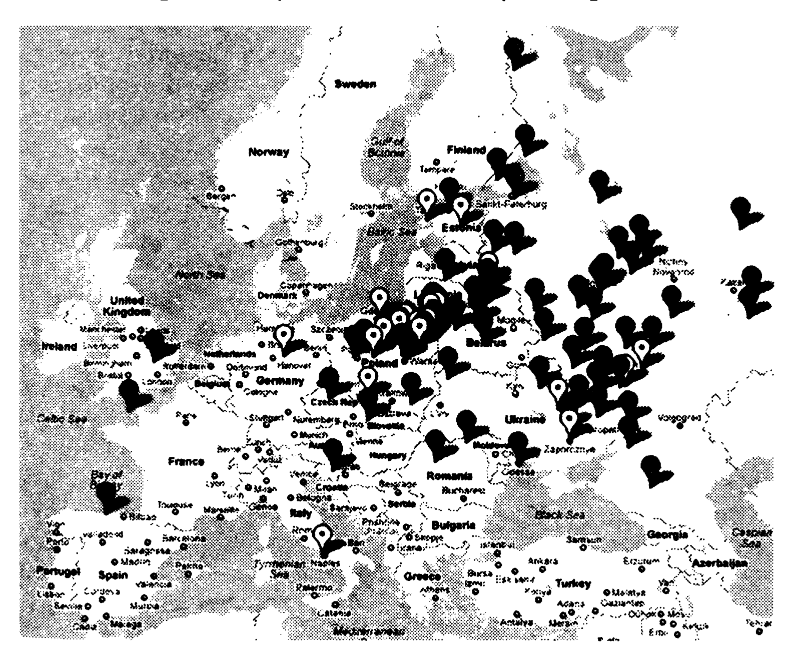
16-11-14-13-30-**24**-11-11-13-14-11-10-20-**15**-15-23-11
16-11-**15**-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-**15**-15-**24**-11
16-11-**15**-13-**31**-25-11-11-13-14-11-10-20-**15**-15-23-11

Три верхних базовых гаплотипа — это варианты северо-евразийской ветви центрально-евразийского субклада R1a-Z280-Z92. В 67-маркерном варианте базовые гаплотипы выглядят следующим образом:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 33 12 14 15 16 — 11 12 19 23 16 16 18 18 34 40 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 13;

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 10 25 14 20 32 12 14 14 16 — 12 12 19 23 15 16 18 20 34 38 13 11 — 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 13.

Это ветви образовались примерно 3600 и 2350 лет назад, соответственно, их общий предок — 4450 лет назад. Это — один из старейших субкладов R1a на Русской равнине




Карта современного расселения северо-евразийской ветви R1a-Z280-Z92. Светлые и темные фишки относятся к разным подветвям субклада

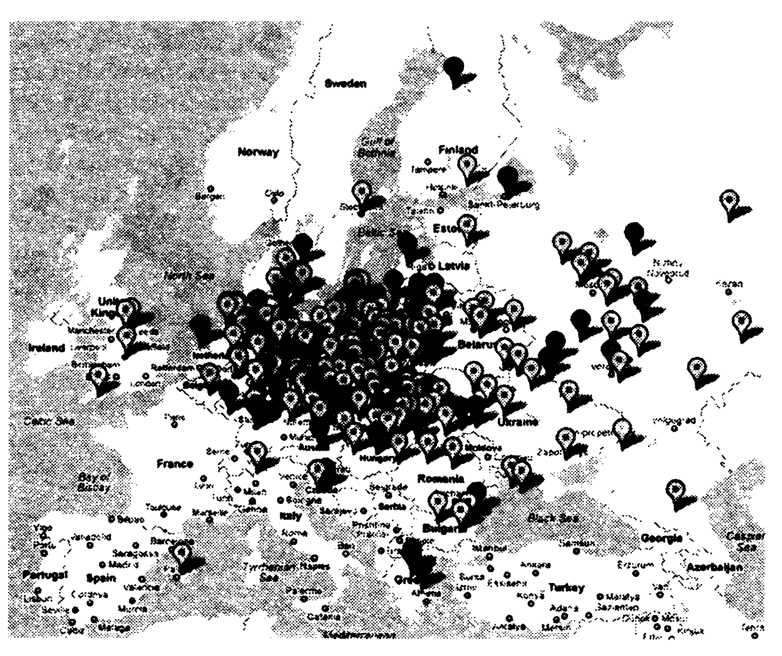
Карта показывает, как расселились по Европе потомки этого древнего славянского племени.

Следующий гаплотип (ниже) — это базовый для центрально-европейской ветви субклада R1a-M458.

16-11-14-13-29-25-10-11-13-14-11-11-20-16-17-23-11

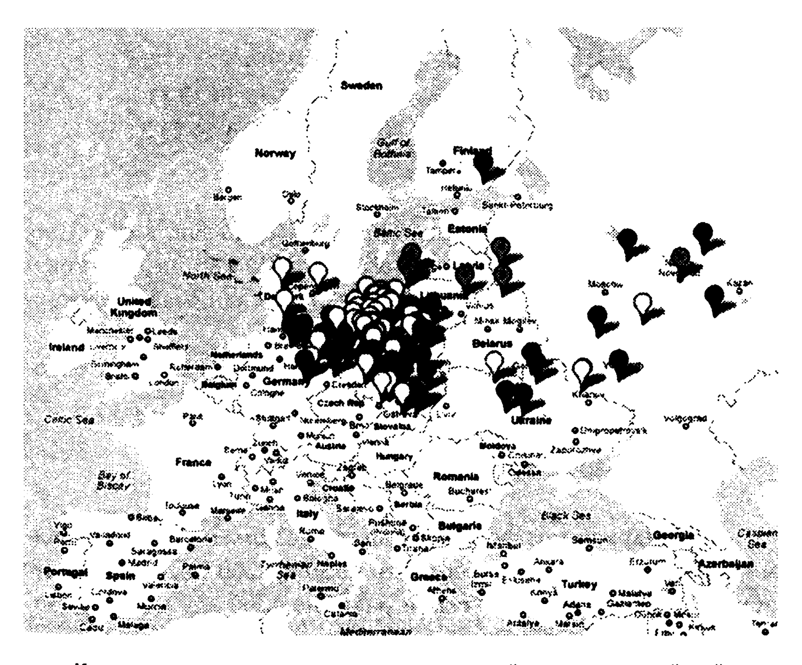
Ветвь тоже состоит из двух подветвей, и в 67-маркерном формате их базовые гаплотипы выглядят так:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 17 16 18 19 34 38 14 11 — 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13;
13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 — 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 12 15 15 15 16 — 11 11 19 23 17 16 18 19 34 40 14 11 — 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13.




Карта современного расселения носителей субклада R1a-M458, в который входят две центрально-европейские ветви и западнославянская ветвь

Кандидаты на эти ветви — дреговичи-радимичи-волыняне-древляне, то есть более западные славянские племена, но здесь свое слово должны сказать историки. На карте видно, насколько эта ветвь гаплогруппы R1a сместилась с территории древних русских славян на запад. В нее определенно вошли и белорусские славяне, и польские. Время образования этой ветвь — 2900 лет назад, начало 1 тыс. до н.э. Есть серьезные основания полагать, что эта ветвь R1a привела к образованию археологической культуры кельтов в Центральной Европе в первой половине 1 тыс. до н.э., и она же принесла индоевропейские языки в Европу. Эта ветвь, разумеется, не единственный кандидат на столь важную культурную и историческую функцию, но один из основных. Выборка показывает, что потомки той же ветви продолжают жить в России.




Карта современного расселения носителей североевропейской ветви (субклад R1a-Z280-L365), и северо-карпатской ветви (R1a-Z280), с которой они полностью перемешаны территориально. Северо-карпатская ветвь относительно малочисленна и не дает отдельную ветвь в 17-маркерном формате гаплотипов

Следующий базовый славянский гаплотип относится к комбинации североевропейской (субклад R1a-Z280-L365) и восточно-карпатской ветвей (субклад R1a-Z280):

15-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-11.

17-маркерные гаплотипы не могут эти ветви разделить, но 67-маркерные — могут:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 17 9 10 11 11 23 14 20 33 13 15 15 16 — 11 11 19 23 16 15 18 19 34 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 21 22 16 10 12 12 13 8 14 24 21 13 12 11 13 11 11 12 13;

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16 17 20 36 39 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13.

Обе эти ветви образовались 2600 лет назад, в середине 1 тыс. до н.э., и их потомки расселились по Европе, как показывает карта (восточно-карпатская ветвь занимает примерно тот же ареал).

Следующая ветвь — балто-карпатская (R1a-Z280), базовый гаплотип:

16-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-15-23-12.

В 67-маркерном формате она представлена двумя ветвями, которые возникли примерно 2550 и 2200 лет назад, и их общий предок жил на Русской равнине 4300 лет назад. Базовый гаплотип их общего предка имел такой вид:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 — 11 12 19 23 16 16 18 18 34 37 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13.




Карта современного расселения носителей балто-карпатской ветви (субклад R1a-Z280). Светлые фишки показывают распределение носителей древней родительской ветви (образовалась 4300 лет назад), темные фишки — распределение двух дочерних подветвей (образовались 2550 и 2200 лет назад)

Следующая ветвь — западнославянская, субклада R1a-M458.

17-**10**-14-13-30-25-**10**-11-13-14-11-10-20-16-**16**-23-11.

Здесь — довольно надежное определение, и соответствующий 67-маркерный гаплотип выглядит следующим образом:

13 25 **17** **10** **10** 14 12 12 10 13 11 30 — 16 9 10 11 11 23 14 20 31 12 15 16 16 — 11 11 19 23 **16** 16 18 19 34 39 13 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 12 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 25 21 12 12 11 13 11 11 12 13.

Мы видим здесь все мутации, характерные для западнославянской ветви, выделенные в 17-маркерном гаплотипе и повторенные в 67-маркерном. Эта ветвь появилась 2700 лет назад, опять в начале 1 тыс. до н.э., и тоже может претендовать на «первичных» кельтов в Центральной Европе. Карта их распределения приведена выше.

Очередная ветвь славянских племен — западная евразийская, которая появилась 4100 лет назад, и от которой 2300 лет назад отошла подветвь этой ветви.

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-11-20-16-16-23-11

В 67-маркерном формате базовый гаплотип следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 33 12 1515 16 — 11 12 19 23 16 16 1819 34 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 1111 12 13.

Наконец, последней ветвью древнего славянского племени является комбинация восточно-карпатской (появилась 2600 лет назад) и центрально-евразийской (появилась 4900 лет назад) ветвей:

16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-12.

Соответствующие 67- и 111-маркерные базовые гаплотипы:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 11 19 23 16 16 17 20 36 39 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 1111 12 13;

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13– 32 15 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11.

Итак, картина вырисовывается следующая. Около 6 тыс. лет назад носители гаплогруппы R1a выдвинулись с Балкан на восток, прибыли примерно 4900 лет назад, прошли за две тысячи лет по Русской равнине, основали немало археологических культур, среди них срубная и андроновская, оставили ряд восточнославянских племен и племенных союзов, из которых как минимум девять дожили в потомках до настоящего времени, прошли до Южного Урала и дальше, вплоть до Китая, и примерно 3500 лет назад перенесли свои праславянские гаплотипы в Индию. Ныне 16% индийцев, примерно 100 миллионов человек, имеют те самые гаплотипы группы R1a, лишь незначительно мутированные за последние три с половиной тысячелетия.

А девять славянских племен остались на Среднерусской равнине, с тем, чтобы через одну-полторы тысячи лет войти в летописи под именами полян, древлян, кривичей и других, перечисленных выше.

А как с южно-балтийскими славянскими племенами? Потомков которых среди этнических русских сейчас в среднем 14%?

О них разговор будет продолжен в следующей главе.

# Глава 8

# ГАПЛОТИПЫ ЮЖНО-БАЛТИЙСКИХ СЛАВЯН: СЕМЬ ПЛЕМЕН?

С южно-балтийскими славянами часто происходит путаница — их почему-то порой называют «финно-735234» или «угро-финнами», кому как нравится. На самом деле если говорить в понятиях лингвистики, то славяне финно-уграми быть никак не могут. Либо они говорят на языках славянской группы, либо на финно-угорских языках.

Исследования, которые были положены в основу этого рассказа, проводились с ДНК мужчин, которые назвали русский язык родным, которые живут на земле своих предков в нескольких поколениях. Поэтому финно-уграми они уже не могут быть просто по определению. Славяне в лингвистике — это, строго говоря, языковая категория. Точнее, славяне — это этноязыковая общность людей. В ДНК-генеалогии славян нет, как нет лингвистических категорий и этносов. Есть — род, гаплогруппа. Но часто бывает, что гаплогруппа в большой степени коррелирует с языком и с этносом, во всяком случае, в рассматриваемом регионе. Тогда допустимо эти понятия условно приравнять, но об этом приравнивании постоянно помнить.

С «русскими финно-уграми» особых проблем тоже нет. Хотя это уже несколько сложнее. Это, стало быть, русские, говорящие на языках финно-угорской группы. Или современные русские, предки которых говорили на языках финно-угорской группы. Это — языки прибалтийские (финский, ижорский, карельский, вепский, водский, эстонский, ливский и другие), саамские (в частности, на Кольском полуострове), мордовский (эрзя, мокша), марийский, пермский (коми, удмуртский). В свою очередь финно-угорские языки — ветвь языков уральских. Есть ли такие среди потомков, кто гово-

рили на тех языках, и которые сейчас считают своим родным языком русский? Есть, разумеется.

Таким образом, мы уже имеем пересечение трех понятий — языкового, этнического, и современной национальности. Каждое из них имеет свою область рассмотрения, свою терминологию. Сюда добавляется еще историческая координата. Например, в составе Новгородской Руси, или, как ее еще называют, Ладого-Новгородской Руси, были представители разных, еще более древних племен. Были среди них те, у кого предки говорили на финно-угорских, или, более широко, уральских языках? Естественно, были. Можно назвать их славяне? Да так и называют, говоря о древних славянских племенах, включая Новгородскую Русь.

Итак, нынешний русский человек, который считает русский, славянский язык своим родным, как считали и его предки в нескольких (как минимум) поколениях, вполне мог иметь предков среди древних славянских племен, которые могли разговаривать на языках финно-угорской, или уральской группы, или происходить от тех, которые на них в прошлом разговаривали.

Таким образом, делать пассы в отношении «финно-угорского происхождения» современных русских — неверно, да и просто глупо. И не потому, что «финно-угорские» — это что-то предосудительное, а просто потому, что нет такого происхождения. Нельзя произойти от языка. Естественно, могли быть, и были поселения, которые могут классифицироваться как «финно-угорские», но здесь исследователи совершают некоторую подмену, перенося языковые понятия на этнографические, и наоборот. Не говоря уже о понятиях и критериях археологических.

И вот, как будто уже нет достаточного винегрета понятий, которые обсуждаются специалистами в рамках разных парадигм, в эти понятия стремительно вошла ДНК-генеалогия, привнеся дополнительную координату. А именно, метку древнего рода, под названием «снип», определяющую гаплогруппу, которая и является определением древнего рода. Причем в отличие от национальности, записанной в паспорте, и которую всегда можно поменять, в отличие от языка, который со временем ассимилируется, адаптируется к окружению, в отличие от этнографических факторов, тоже порой

подверженных довольно быстрым изменениям, гаплогруппа не ассимилируется. Она определяется «рисунком» мутаций в ДНК, причем в мужской Y-хромосоме ДНК, которая передается от отца к сыну сотнями и тысячами поколений.

В результате довольно простых и надежных тестов можно определить, к какому роду принадлежит любой человек. Оказалось, что для людей, говорящих на языках финно-угорской группы (или потомков тех людей), и живущих на севере России (а также в Финляндии, Швеции, Эстонии), характерна гаплогруппа N1c1. Но она же характерна и для людей, говорящих на языках индоевропейской семьи, и живущих на севере России, в прибалтийских странах, и среди южно-балтийских славян. Количество носителей гаплогруппы N1c1, быстро нарастает к северу от Пскова и Новгорода.

Если остановится только на этнических русских, то таких по всей России в среднем 14%, но на севере России значительно больше.

В предыдущем рассказе описывалось, что относительно недавно были опубликованы результаты тестирования 539 жителей 12 областей Российской Федерации. Как принято у специалистов, для тестов отбирали только тех, кто не менее трех поколений жил на этой территории (то есть отец, дед, мать и бабушка родились в данной области), чтобы все четверо предков были этническими русскими, и чтобы родной язык был русским, и чтобы тестируемые не были родственниками по крайней мере в третьей степени родства. Это — стандартные требования в исследованиях такого рода.

Далее, были сделаны специальные ДНК-генеалогические тесты на принадлежность к определенным родам. Оказалось, что из 539 человек 257 оказались восточными славянами, гаплогруппа R1a. Это — 48% от всех русских по данной выборке. На втором месте по численности — этнические русские гаплогруппы I (объединены гаплогруппы I1 и I2). Их 118 человек, то есть 22%. На третьем месте — южно-балтийские славяне, гаплогруппа N1c1. Их 76 человек, то есть 14%. Действительно, другие исследования показывают, что носителей N1c1 от 36% на севере России до 16% в средней полосе и до 10% на юге. Как я уже рассказывал, авторы исследования — этого и других — историю не трогали.

В предыдущем рассказе отмечалось, что, как принято у популяционных генетиков, внимание в той научной статье было в первую очередь обращено на формальные факторы. Основное заключение статьи было в том, что гаплотипы показывают «высокое разнообразие, но небольшое генетическое различие между популяциями», как показали расчеты «молекулярных вариаций». Отмечен «градиент различий в Y-хромосоме между Россией и славяноязычными популяциями к западу», и «заметные разрывы между соседними популяциями к востоку, северу и югу». Идентификации генеалогических линий внутри гаплогрупп, расчеты времен жизни предков этих линий в этой научной статье, как и в других подобных ей не проводились.

Теперь — несколько общих соображений. Исторической науке, да и широкому читателю известны примерно полтора десятка (или больше, если считать варианты) основных древних славянских племен и племенных союзов. Все эти племена и племенные союзы относят к VIII—XII векам, после чего они вошли в состав Киевской Руси или Новгородской Руси, по соответствующему месту их нахождения, и прекратили самостоятельное существование.

Ожидать, что юго-западные племена и племенные союзы имели много носителей гаплогруппы N (и N1c, в частности), не приходится. И сейчас имеется заметный нисходящий градиент гаплогруппы N1c1 от Карелии и Финляндии к средней полосе России. Вот как этот градиент выглядит в процентном изложении по упомянутым областям Российской Федерации с севера в южном направлении (карта приведена в предыдущем рассказе):

Архангельская — 26%;
Вологодская — 13%;
Новгородская — 28%;
Ивановская — 23%;
Тверская — 9%;
Рязанская — 8%;
Смоленская — 14%;
Брянская — 16%;
Пензенская — 10%;

Орловская — 12%;
Липецкая — 11%;
Тамбовская — 6%.

Зависимость нечеткая, размытая, но в целом доля N1c1 идет на понижение. И это не удивительно, так как трудно ожидать, что потомки древних племен так и продолжают компактно жить на своих территориях. Одна Вторая мировая война сдвинула с места миллионы людей, миллионы погибли, миллионы оказались в плену, миллионы в ссылках и лагерях. И вряд ли кто разбирался, кто там восточные славяне, а кто южные балты. Так что удивительно скорее, что какое-то подобие градиента еще сохранилось, с заметным преобладанием потомков древних южных балтов в Архангельской, Новгородской и Ивановской областей по сравнению с остальными, в основном более южными областями.

Та же диффузность, что и доля носителей гаплогруппы N1c1 по областям, относится и к расчетам времен жизни общих предков в каждой из областей. Действительно, времена жизни общих предков, рассчитанные из картины мутаций в их ДНК, по областям показали неупорядоченный набор цифр, из которых можно вынести только то, что общие предки гаплогруппы N1c1 жили 3200—3500 лет назад, но где они жили — из полученных цифр не очевидно. В целом известно, что финны (финно-угры) и южные балты, предки нынешних славян, пришли на Балтику 1500—2000 лет назад, в начале — первой половине 1 тыс. нашей эры. До этого их предки были уральцами. Получается, что датировка 3200—3500 лет назад может относиться к маршруту миграции, которая продолжалась тысячелетиями. Датировки гаплогруппы N1c1 по областям:

Архангельская —2775 лет назад;
Вологодская — 3350;
Новгородская — 3150;
Ивановская — 3450;
Тверская — 3075;
Рязанская — (1850);
Смоленская — 3200;
Брянская — 2925;

Пензенская — 3575;
Орловская — 2950;
Липецкая — (4300);
Тамбовская — 3975.

Я опять умышленно не округляю цифр, чтобы не смазывать сопоставления областей друг с другом.

Выпадающие значения по Рязанской и Липецкой областям (приведенные в скобках) обусловлены крайне малой статистикой, и эти данные приведены здесь скорее чтобы показать, как малая статистика может приводить к разбросам. Да и то, как видно, к разбросам довольно умеренным, не фантастическим. Тем не менее, эта информация вряд ли имеет особую ценность по причинам, указанным выше. Если формально усреднить времена до общих предков по областям, если это имеет какой-то смысл, то получим 3200±600 лет. Если же провести расчеты по всем 76 гаплотипам, которые имеют суммарно 317 мутаций от предкового гаплотипа

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12,

то это показывает, что общий предок всех «русских финно-угров» жил 3525±370 лет назад.

Это — примерно на тысячу лет позже времени жизни общего предка славян гаплогруппы R1a по тем же территориям, что было рассчитано (см. предыдущий рассказ) равным 4380±700 лет по областям, и 4750±490 лет для всей выборки из 257 гаплотипов.

Естественно, к формированию славянских племен и племенных союзов IX—XII веков н.э., то есть более чем 2000 лет после появления общих предков гаплогруппы N1c1 у будущих южно-балтийских славян, «арийские» и «южно-балтийские» славяне могли в значительной степени перемешаться, но это нам в полной мере неизвестно. Более того, археологи находят сейчас в Ивановской области поселения IV века н.э., которые они определяют как «финские» (http://www.vesti.ru/videos?vid=142527&cid=7&doc_type=news&doc_id=198415).

Правда, из сообщения совершенно непонятно, почему это поселение посчитали «финским», хотя там же были и древнерусские бусы. И тут же — радостное сообщение, что придется

пересматривать истоки древнерусской культуры. Надо же, какая удача! Финны, оказывается, были у истоков Руси. Ура!

Интересный это народ, историки (не все, конечно), которые все мечтают показать, что древнерусской культуры не было. А была — скандинавская. Вот об этой детской болезни норманизма мы еще в этой книге поговорим. Как археологическая находка — сразу азарт, мечта — положить еще один камень в основу норманизма. При этом данные фильтруются, интерпретации сгибаются в сторону норманизма, альтернативные варианты не рассматриваются. Прямо наваждение какое-то у этих историков. Я еще понимаю, когда сгибали бы в сторону славянизма, хотя и это с научной точки неприемлемо, но хоть эмоционально можно понять. А как понять передергивания в сторону якобы скандинавской основы Руси, когда в каждом случае есть альтернативные интерпретации? Которые норманисты любой ценой не рассматривают.

Загадка мироздания. Мы к этому еще вернемся.

А сейчас — обратно к ДНК-генеалогии. Какие же племена могли иметь преобладающую гаплогруппу N1c1?

Напомним некоторые из славянских племен, относимых к X—XIII векам н.э.: словене новгородские, вятичи, кривичи, полочане, радимичи, дреговичи, тиверцы, уличи, волыняне, поляне, северяне, древляне.

Из них, видимо, первые три могут рассматриваться как вероятные (частичные) носители гаплогруппы N1c1. Их родственниками по гаплогруппе могли быть: чудь, водь, голядь, весь, ливы, меря, мурома, корела, мордва, латгалы, эсты и племена, родственные им. Они описаны в «Повести временных лет», в составе Лаврентьевской летописи 1377 года:

«В Афетовѣ же части сѣдять Русь, Чюдь и вси языци: Меря, Мурома, Весь, Моръдва, Заволочьская Чюдь, Пермь, Печера, Ямь, Утра, *Л*итва, Зимѣгола, Корсь, *Л*ѣтьгола, *Л*юбь. *Л*яхъве же и Пруси и Чюдь присѣдять к морю Варяжьскому».

Откуда они появились?

Это — пока далекая от понимания история, в которой много белых пятен. Предполагается, что их родительская гаплогруппа, N1, появилась в Китае, или — более обще — в Юго-Восточной Азии, примерно 10 тыс. лет назад. Оттуда носители N1 мигрировали на Алтай, и на этом пути приобре-

ли характерную необратимую мутацию в ДНК, которая и перевела N1 в дочерние гаплогруппы N1a, N1b и N1c. Появление последней произошло примерно 6500 лет назад.

Дальнейшие пути миграции носителей N1c пока остаются неясными, но, видимо, идут через Сибирь на Средний Урал (Пермский край) и Северный Урал (Коми), и затем в Поволжье, откуда расходятся в новгородские земли и Карелию, и затем на обе стороны Финского залива, и другим путем, через среднее течение Днепра, далее на запад, в Трансильванию, дав начало будущим венграм. Но среди современных венгров их осталось мало.

Как видно из изложенного выше, общий предок русских N1c1 жил 3500 лет назад, но мы не знаем, где. Эта датировка относится или к Среднему Уралу, или к Поволжью, или уже к Прибалтике и будущему Новгороду-Пскову. Они могли входить в состав сейсминско-турбинских племен примерно в то же время, то есть в середине 2 тыс. до н.э., зона миграций которых простирается от Монголии и Саянских гор до Финляндии и Карпат. Но ясно, что формирование славянских племен практически завершилось через две тысячи лет после того, и в X—XII вв. часть этих племен и племенных союзов уже вошли в состав Новгородского княжества, и затем — Древнерусского государства.

И вот теперь возвращаемся к гаплотипам. Можно полагать, что если по территориям гаплотипы перемешаны, как мы только что имели возможность убедиться, то потомки представителей этих племен остались. Трудно представить, что племена могли исчезнуть полностью. Если некоторые и могли, то далеко не все. Они скорее ассимилировались по языку, культуре, верованиям, антропологическому облику. По геному. Но не по своим Y-хромосомам, которые, как мы знаем, не ассимилируются. Соответствующие гаплотипы должны присутствовать в современной популяции, всего с немногими мутациями по сравнению с предками, жившими во времена Новгородской республики и ранее.

Давайте убедимся, что ДНК современников имеют «кластеры» гаплотипов, отличающихся по картине мутаций, что определенно соответствует различным генеалогическим линиям предков. А значит — разным племенам. И чуди, и мере, и муроме, и другим.

Иначе говоря, если эти племена жили отдельно друг от друга, что естественно, иначе не было бы подразделения на племена, то они могли бы, и должны бы различаться по тонкой структуре гаплотипов. Род — один (в данном случае N1c1), хотя не все из перечисленных племен непременно принадлежали к роду N1c1, а племена разные. И при правильном анализе гаплотипов они непременно должны проявиться в тех же кластерах, ветвях на деревьях гаплотипах, генеалогических линиях.

Проверим эту гипотезу.

Оказалось, что если нанести все 76 гаплотипов русских носителей гаплогруппы N1c1 на одно дерево, то оно разделяется на семь ветвей.

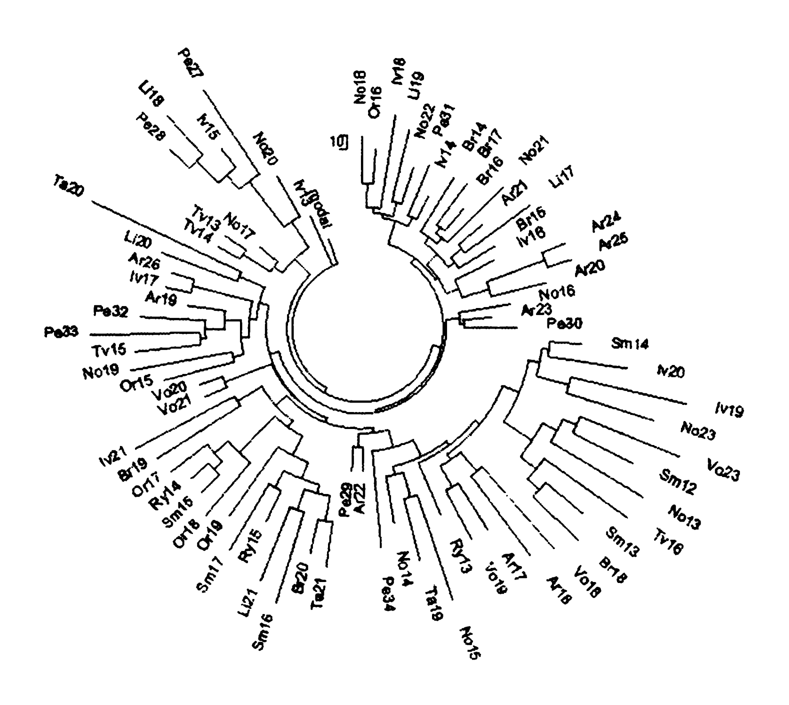



Рис. 032. Дерево из 76 гаплотипов гаплогруппы N1c1 этнических русских по 12 областям Российской Федерации

Опуская детальный анализ этих ветвей, их мутаций и скоростей этих мутаций, а следовательно — степени удаления от предков этих ДНК-генеалогических ветвей во времени (все это опубликовано в научной печати), приведу только список гаплотипов предков каждого из этих семи племен:

14-11-13-14-30-**24**-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**21**-11 — 1325 лет назад;
14-11-13-14-30-**22**-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-11 — 2500 лет назад;
14-11-13-**13**-**29**-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-11 — 3375 лет назад;
**15**-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-**13**-17-22-11 — 2775 лет назад;
14-11-13-14-**31**-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-11 — 3050 лет назад;
14-11-13-14-30-23-**10**-14-14-14-**11**-10-19-14-17-**21**-11 — 750 лет назад;
14-11-**14**-14-30-23-**10**-14-**13**-14-10-10-**20**-14-17-**21**-11 — 1400 лет назад.

Здесь выписано, когда жили предки каждой из ветвей, что было рассчитано по картине мутаций в гаплотипах каждой ветви. Например, у предпоследней ветви мутаций почти не было, гаплотипы свеженькие, общий предок всех жил недавно (по историческим и мутационным меркам), а именно, в XIII веке. Откуда-то перебрался на новое место, народил детей, в том числе непременно мальчиков, вот они и дали потомство, которое и живет сейчас среди нас. Мутаций от этого недавнего предка у них набежало немного, и они сразу выявляются по своему «кусту», где бы они ни жили, в Архангельской области или в Тамбовской.

Гаплотип единственного первопредка всех семи «кустов» следующий:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-11.

Он жил 3875±400 лет назад. Не столь далеко от величины 3525±370 лет назад, полученной при рассмотрении всех 76 гаплотипов 17-маркерный выборки и рассчитанной дру-

гим способом (см. выше), и фактически в пределах погрешности расчетов. Гаплотипов не так много, поэтому и точность не так велика. Но для предварительной оценки достаточно.

Более детальное рассмотрение с помощью протяженных, 67-маркерных гаплотипов показало, что общий предок финских и южно-балтийских гаплотипов жил примерно 3200 лет назад. Эта датировка относится к миграционному пути между Уралом или Поволжьем и Балтикой, и эта миграция разошлась на несколько ДНК-генеалогических линий, прибытие которых в Прибалтику датируется концом 1 тыс. до н.э. — серединой 1 тыс. н.э. Случайное это совпадение или нет, но в те же времена в Европе происходило становление языкового славянства, и в те же времена вдоль Прибалтики формировались прибалтийские племена, а потом викинги. Одна линия сформировала финно-угорскую ветвь, состоящую в значительной степени из финнов, но с добавлениями части славян, норвежцев, шведов; другая линия дала потомков, ныне живущих в основном в России, в прибалтийских странах — Эстонии, Литве, Латвии, а также Польше, и их соседей, откуда гаплотипы южно-балтийской группы попали с потомками вплоть до Атлантики и Мексики. Как уже отмечалось, характерными признаками гаплотипов финской группы являются шестерки в гаплотипах 10-10, 13-13-14-14, и негативный снип L550-. Характерными признаками гаплотипов южно-балтийской группы являются 9-9, 14-14-15-15, и позитивный снип L550+. Эти ветви и группы и их «возраст» воспроизводимо выявляются при любом методе расчета наборов гаплотипов гаплогруппы N1c1.

В последнем списке базы данных из 425 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы N1c1, русских — 77 человек, поляков — 32, шведов — 21, норвежцев — 10, эстонцев — 3, датчан — 2. Остальные в основном финны, но у них другие гаплотипы, с другой «шестеркой». А подавляющее большинство «скандинавских» (включая и эстонские) гаплотипов — славянские по происхождению. И это не удивительно — ведь направление миграции носителей N1c1 на запад от северной и южной Балтики было или от финнов, или от южно-балтийских славян. Нет «своих» гаплотипов в Скандинавии, там

либо финские, либо славянские. И славяне там доминировали, это даже по языку видно. Обратите внимание, языки в Швеции, Норвегии, Дании и части Финляндии — индоевропейские, а не финно-угорские. Это был вообще единый язык до середины XI в. н.э., опять же индоевропейский. Потому и славянские гаплотипы доминируют, эти понятия — гаплотипы и язык — часто взаимосвязаны.

Теперь перейдем в нашем рассказе на другой, более высокий уровень изложения, и выйдем на самый передний фронт современной науки. Что она говорит о тех семи базовых гаплотипах южно-балтийских племен? Как изменится ситуация, если выйти за пределы этнических русских, и посмотреть, откуда появились те ДНК-генеалогические линии, только ли из своих племен, или прихватили и другие? Каково место этих линий на общей диаграмме гаплогруппы N?

Ниже — самая современная схема, или дерево субкладов гаплогруппы N, в сокращении, чтобы сфокусироваться именно на том, что мы рассматриваем. Она дается в сокращении, и приводит в основном те субклады, которые имеют прямое отношение к обсуждаемому здесь вопросу.

N M231
N1 LLY22g.1_1, LLY22g.1_2
N1a P189.2
N1b L732
N1c L729
N1c1 M46
N1c1a M178
N1c1a1 L708 Евразийская ветвь
N1c1a1a L1026 Центральная евразийская ветвь
N1c1a1a1 VL29 Европейская ветвь
N1c1a1a1a L550 Южно-балтийская ветвь
N1c1a1a1a1 L1025 Восточно-европейская
N1c1a1a1a1a L551
N1c1a1a1b L1022 Балтийская ветвь
N1c1a1a2 Z1936 Северная евразийская ветвь
N1c1a1a2a Z1935 Финская ветвь
N1c1a1a2a1 Z1941
N1c1a1a2a1a Z1940
N1c1a1a2b L1034 Молодая угорская ветвь

Субклады — это пирамида подгрупп гаплогруппы, они действительно образуют лесенку, и показывают, как по мере возникновения необратимых мутаций в Y-хромосоме образуются все более и более молодые подгруппы, и у каждой подгруппы, а это и есть субклад, есть свой индекс.

Так вот, лесенка такая: где-то в первой трети субкладов, начиная от верхней части пирамиды, появляется евразийская ветвь (L708), потом центральная евразийская ветвь (L1026), потом европейская ветвь (VL29) и параллельная ей северная евразийская ветвь (Z1936). От последней образуется ее дочерняя молодая угорская ветвь (L1034) и параллельная ей финская ветвь (Z1935).

От европейской ветви отходит балтийская ветвь (L1022) и параллельная ей южно-балтийская ветвь (L550), от последней отходит дочерняя восточноевропейская ветвь (L1025), в которой особенно много литовцев и поляков (почти половина ветви), а также русских, чехов, словаков, латышей, украинцев, белорусов. Финнов в ней почти нет (шесть гаплотипов, меньше 5%), и у всех шести знакомая нам славянская шестерка 9-9, 14-14-15-15.

Из этого следует, что между финской ветвью (Z1935) и славянской ветвью (южно-балтийской и дочерней восточноевропейской) — целый ряд ступенек. Они друг от друга не образовались, они разошлись от общего предка. Потому-то финские и южно-балтийские гаплотипы так различаются: финские гаплотипы имеют шестерку 10-10, 13-13-14-14, а славянские — 9-9, 14-14-15-15. Между ними — примерно 3325 лет разницы, они разошлись от центрально-евразийской ветви 3200 лет назад. Вот почему нет «шведских гаплотипов» в гаплогруппе N1c1.

Итак, примерно 3700±200 лет назад жил общий предок современных этнических русских гаплогруппы N1c1. От него пошли семь генеалогических линий, базовые гаплотипы которых приведены выше. Все они разные, и каждый мог соответствовать патриарху отдельного славянского племени. Какие у тех племен были названия, и были ли они — мы пока не знаем. Но то, что эти племена реально существовали — это вполне вероятно. Не исключено, что приведенные в начале статьи названия славянских родов могут быть поставлены в соответствие найденным базовым гаплотипам. Пока

у нас нет к этому данных, но могут помочь изучения ископаемых гаплотипов, или специальные и направленные популяционные исследования.

А пока — внимательно посмотрим на те 17-маркерные базовые гаплотипы предположительно древних славянских племен, как они сохранились в современных этнических русских.

Первый гаплотип из списка — это финская линия. В 67-маркерном формате гаплотип выглядит следующим образом:

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 **10 10** 11 12 25 14 19 31 **13 13 14 14** — 11 11 18 20 14 15 18 18 37 37 12 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 15 12 11 10 11 11 12 11.

Как было описано выше, эта ветвь отошла от северной евразийской ветви, а та в свою очередь от центральной евразийской ветви, и сейчас финская ветвь маркируется снип-мутацией Z1935. В ней — почти три четверти финнов, 86 человек из 119 в ветви, которые указали свое происхождение, 19 человек назвались русскими, но у всех характерная финская шестерка (выделена в базовом гаплотипе выше), 9 шведов, 4 норвежца, один эстонец. У всех — та самая характерная шестерка. Среди всех 123 гаплотипов — 43 базовых, то есть идентичных друг другу, в 12-маркерном формате.

14 24 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30

Это означает, что общий предок всех жил [ln(123/43)]/0,02=53→56 поколений назад (показана поправка на возвратные мутации), то есть 1400 лет назад. Это — примерно VII век н.э., плюс-минус пара веков. Расчет по 17-маркерным гаплотипам дал 1325 лет назад. Это — одно и то же в пределах погрешности расчетов. Но заметим, что расчет проводился по двум совершенно разным выборкам, 1400 лет получилось для всей финской ветви, с расчетом по финнам, 1325 лет получилось при расчете только по этническим русским. Иначе говоря, предки этнических русских появились тогда же, когда и предки этнических финнов. Впрочем, это неудивительно.

Второй гаплотип из списка — это южно-балтийская линия. В 67-маркерном формате гаплотип выглядит так:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 **9 9** 11 12 25 14 19 28 **14 14 15 15** — 11 11 18 20 14 15 16 19 35 35 14 10 — 11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11 11 12 11.

На самом деле у него второй маркер — дробный, между 22 и 23, но в данном случае округлен в сторону 23, а в 17-маркерных гаплотипов статистика была менее представительной, и округление прошло в сторону 22. В остальном все совпадает.

Как было описано выше, эта ветвь образовалась путем лесенки последовательных мутаций от евразийской ветви и ранее, и сейчас южно-балтийская ветвь маркируется снип-мутацией L550, В ней — большинство русских, а финны и шведы в этой группе все имеют славянские шестерки 9-9, 14-14-15-15. Среди всех 79 гаплотипов — 23 базовых 12-маркерных, и 5 базовых 25-маркерных.

Это означает, что общий предок всех жил [ln(79/23)]/0,02=62→66 поколений назад, то есть 1650 лет назад, если считать по 12-маркерным гаплотипам, и [ln(79/5)]/0,046=60→64 поколений назад, то есть 1600 лет назад, если считать по 25-маркерным гаплотипам. Это — первая половина 1 тыс. н.э., раньше, чем подошли будущие финны.

Не будем больше приводить выкладки, просто отметим, что последующие пять ветвей принадлежат:

- Центрально-евразийской ветви (L1026), поэтому датировка общего предка столь древняя.
- Восточно-европейской ветви (L1025).
- Балтийской ветви (L1022, две ее подветви).
- Евразийской ветви (L708).

В последнюю входят, в частности, татары, удмурты, ногайцы.

Славянский первопредок, гаплогруппы R1a, восточных славян, жил 4900±500 лет назад, как было показано в предыдущем рассказе, то есть на тысячу, а то и более лет раньше, чем первопредок славянской части гаплогруппы N1c1. Славяне гаплогруппы R1a двигались на Среднерусскую равнину

с запада — с Дуная, с Балкан, с Карпат. Будущие южные балты, они же уральцы, они же алтайцы двигались по своей дуге с северо-востока, а ранее — с юга Сибири. И так получилось, что сошлись на северо-востоке, в районе будущих Новгорода-Иваново-Вологды, и образовали союз, ставший славянским, а потом и русским, в первой половине 1 тыс. н.э., а возможно, и намного ранее. По оценкам, восточных славян было вчетверо больше, чем южных балтов, или это сейчас восточнославянских потомков настолько больше. Так или иначе, особой вражды между ними не было, была мирная ассимиляция. Так что 9 восточнославянских племен и 7 финно-угорских — это на самом деле было не 16 племен, а, возможно, те же 9 племен, или чуть больше. Мирное существование.

# Глава 9

# ГАПЛОТИПЫ ЮЖНЫХ И СЕВЕРНЫХ РУССКИХ СЛАВЯН: ЧЕТЫРЕ ПЛЕМЕНИ?

Это — заключительный рассказ из серии по гаплотипам русских славян. Напомню, что в первом (глава 7) анализировались 257 гаплотипов этнических русских, носителей восточнославянской гаплогруппы R1a, которые были обнаружены среди более 500 гаплотипов по 12 областям Российской Федерации и опубликованы в статье, выполненной русскими и немецкими исследователями. Все гаплотипы распределились по гаплогруппам этнических русских следующим образом:

R1a — 257 (48%, восточнославянская в данном контексте)
I2 — 82 (15%, южнославянская, или балканская, или динарская)
N1c1 — 76 (14%, южно-балтийская, или уральская, или финская)
I1 — 35 (6,5%, общеевропейская)
R1b - 28 (5,2%, эрбины)
J2 — 16 (3,0%, средиземноморская, ближневосточная)
E — 16 (3,0%, североафриканская, условно «греческая»)
G — 10 (1,9%, кавказская, или иранская)
K — 9 (1,7%)
F — 6 (1,1%)
C — 2 (0,4%, условно «монгольская», в применении к Евразии)

Почти все названия гаплогрупп в скобках являются условными и неточными, скорее научно-жаргонными, и даются здесь в качестве первичной ориентации. Названия их зависят от контекста. Например, в Ирландии гаплогруппа R1a вряд ли будет «восточнославянская», хотя она попала в Ирландию с Русской равнины тысячелетия назад.

Как видно, гаплогруппа R1a в России лидирует с большим отрывом, далее идет I2, затем N1c1, и затем идет гапло-

группа I1, которую можно назвать «общеевропейской». Об I2 и I1, двух основных подгруппах одной сводной гаплогруппы I и пойдет речь в данном рассказе.

Почему сразу двух родов, вместе? А потому, что в цитированной научной статье их не разделяли, так чохом и рассматривали в виде обобщенной гаплогруппы I. Видимо, уважаемые ученые не сумели. Пришлось автору настоящего рассказа сделать это за них.

Теперь — несколько общих соображений, уже изложенных в предыдущих главах. Исторической науке, да и широкому читателю известны примерно полтора десятка (или больше, если считать варианты) основных древних славянских племен и племенных союзов.

В принципе, как «общеевропейская» (I1), так и южнославянская (I2) гаплогруппы могли входить в состав любых древних славянских племен, естественно, в разных пропорциях, но эти пропорции нам пока неизвестны. Из общих соображений можно было бы полагать, что среди ильменских словен, полочан, кривичей могло быть больше гаплогруппы I1, которая часто тяготеет к северу, а среди полян, древлян, уличей, тиверцев и белых хорватов — южнославянских гаплотипов I2, но это нам тоже пока неизвестно. Более того, как будет показано ниже, I2 получила расхожее название «южнославянской» только по причине ее современного распределения, хотя она встречается по всей Европе. Поэтому опять в каждом случае использования таких «географических» имен нужен правильный контекст.

. И вдруг при чтении книги Л.Н. Гумилева «Древняя Русь и великая степь» (АСТ, Москва, 2008, с. 109—111) я нахожу примечательные сведения о том, что во второй половине VIII века «воинственный и сильный князь Новгорода русского... Бравлин... с многочисленным войском опустошил места от Корсуни до Керчи, с большой силой пришел к Сурожу» (Житие св. Стефана, епископа Сурожского, История русской церкви. М., 1888, с. 21, и др. ссылки в кн. Гумилева). Л. Гумилев задается вопросами — кто были упомянутые здесь русы? Что за странное имя — Бравлин? Откуда пришел этот Бравлин, из какого «Новгорода»? Ведь известного Новгорода в начале IX века еще не существовало. И путем исторического анализа Л. Гумилев, привлекая соображения Г.В. Вернадско-

го, приходит к выводу, что упомянутый «Новгород» — это скифский Неаполь (Симферополь), что русы пришли в Крым из Доно-Донецкого ареала, и что на самом деле это были потомки россомонов, о которых известно, что они в II—V вв. воевали против готов, и были союзниками гуннов и, вероятно, антов. Они были неоднократно описаны арабскими и греческими авторами как «этнос, живший около славян, но отличавшийся от последних языком и обычаями». И далее Л. Гумилев отмечает: «Слились русы и славяне только при Владимире Святом, в X в. До этого русы были самостоятельным народом, хорошо известным в Германии. Немецкие хронисты называли их руги».

В «Повесть временных лет» эта история про Бравлина не вошла.

И дальше Л. Гумилев отмечает, что немецкие историки IX в. путали россомонов и шведов, «поскольку и те, и другие были скандинавами, хотя предки россомонов еще в I—II вв. покинули родину». И далее — что «епископ Адальберт в 959 г. назвал Ольгу королевой ругов, а английский принц Эдуард (989—1017) сообщил про Ярослава Мудрого, что тот «король земли ругов, которую мы зовем Руссией». В то же время «еще в X в. современники описывали русов и славян как два разных этноса, выступающих, как правило, совместно». Как пишет Л. Гумилев, они «сложились в ареале единого пассионарного толчка», и слились «в единый древнерусский этнос... в конце X в.» Л. Гумилев, обобщая сведения и интерпретации разных авторов, приходит к выводу, что «руги» и «русы» — один и тот же народ, который еще в 307 году был обозначен в числе федератов Римской империи. «Родиной ругов была Южная Прибалтика, откуда они были вытеснены готами, после чего распространились по Восточной Европе от Адриатики до Днепра и озера Ильмень». Широкое их рассеяние привело к тому, что и название их было множественным — руги, роги, русы, розы, руци, руяны, рутены, рюгены. Их еще называли северными иллирийцами.

Впрочем, оставим историкам выяснять взаимоотношения между этими племенами, или одним племенем под разными названиями. Вернемся к ДНК-генеалогии. Слияние этноса вовсе не означает слияние их гаплогрупп. Гаплогруппы не сливаются и не ассимилируются. На основании описанного Л. Гу-

милевым и другими историками мы вполне можем ожидать у современных этнических русских наличия гаплогрупп россомонов, они же руги, они же рюгены, они же русы, наряду с восточными славянами (R1a), уральцами/финно-уграми (N1c1) и южными славянами, они же балканские славяне (I2).

Так и получилось. Именно эти четыре доминирующие гаплогруппы (точнее, три гаплогруппы — R1a, N1c1 и I, с двумя подгруппами последней — I1 и I2) мы и нашли. Замечательно то, что наши детальные исследования практически полностью согласуются с положениями историков, и остается только восхищаться, как историки сумели это столь точно описать на основании ускользающих данных, смазанных многими веками. Конечно, мы теперь это можем дополнить количественными сведениями, такими, как время жизни общих предков этих племен, то есть когда эти племена образовались, и тем, как выглядели их гаплотипы в ДНК предков.

Как пишет Л. Гумилев, русы были разделены на три группы. Первая — с центром в Киеве, руководимая Аскольдом и далее Олегом во второй половине IX в. Заметим, что это — род (или гаплогруппа) I, которая делится на I1 и I2. Далее, по Л. Гумилеву, идет Славия, область славян ильменских. Это — восточные славяне, гаплогруппа R1a. Наконец, «Арса («предмет», по Л. Гумилеву, «неясный и спорный»), обитавшая между современным Ростовом и Белоозером» (Гумилев, с. 135). Это — регион племен весь, чудь, марийцы, мордва. Это — гаплогруппа N1c1, южно-балтийская, финно-угорская, она же уральская или алтайская.

Итак, перейдем к россомонам, русам и рюгенам (славянскому балтийскому роду, по многим данным и соображениям) и южным славянам (антам и другим), которые, видимо, принадлежали ко всем трем-четырем гаплогруппам, и среди них — гаплогруппам I1 и I2.

Если построить дерево гаплотипов группы I, без разделения на подгруппы I1 и I2, так, как это давалось в исходной статье российских и немецких авторов, то получится так, как показано на рисунке ниже. Видно, что дерево расходится на несколько совершенно разных ветвей. Это и есть гаплотипы гаплогрупп I1 и I2. У них совершенно разная история и разные предки, которые, правда, когда-то имели общего предка гаплогруппы I, по оценкам — 40—30 тыс. лет назад, и в со-

временной Европе обнаруживаемого не менее 15 тыс. лет назад. Как, впрочем, и все гаплогруппы когда-то имели общего предка, жившего пока неизвестно где примерно 160—200, а то и 300 тыс. лет назад. Его порой именуют «хромосомным Адамом», хотя, разумеется, никаким «Адамом» он не был, и жил он в окружении себе подобных, и предки у него были, и родственники, близкие и далекие. Просто потомство до наших времен дошло только от него, остальные не выжили. К нему сходятся гаплотипы-гаплогруппы всех мужчин, живущих сейчас на Земле, да и то не очень сходятся, все время нестыковки вылезают. Точнее, пока никого другого такого не нашли. Поэтому его в шутку и называют «Адамом». Ученые шутить любят. А женщину, к которой сходятся женские гаплотипы-гаплогруппы, по аналогии шуточно назвали Евой.

На рисунке ниже — справа молодая ветвь гаплогруппы I2 (3000±380 лет до общего предка), с базовым 17-маркерным гаплотипом

16 14 15 13 31 24 11 11 13 15 10 13 20 15 17 23 11,

слева — широкая ветвь гаплогруппы I1 (3650±800 лет до общего предка), с базовым гаплотипом

14 14 14 12 29 22 10 11 13 16 10 11 20 14 15 22 11

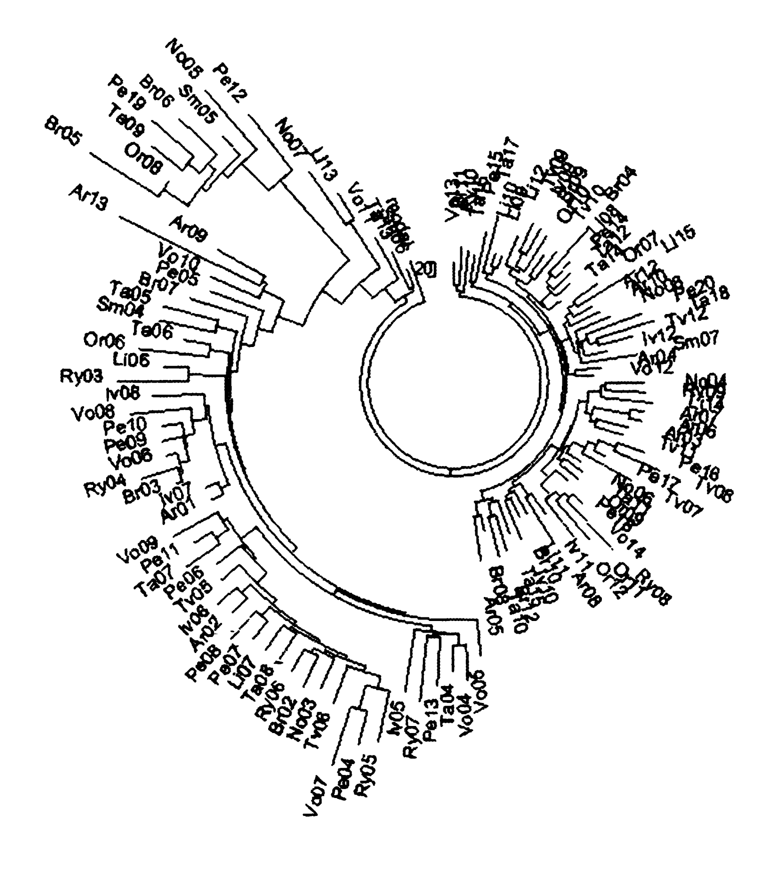
и ее соседняя ветвь с возрастом 2850±450 лет и базовым гаплотипом

14 13 14 12 28 22 10 11 13 16 10 11 20 14 15 21 11.

А также высокая ветвь древней гаплогруппы I2 (10500±1100 лет до общего предка), с базовым гаплотипом

16 14 15 13 29 23 10 11 14 15 10 11 20 15 16 22 11.

Эти гаплогруппы, I1 и I2, разошлись от родительской гаплогруппы I не менее 15 тыс. лет назад, и эти ветви каждая имели свою историю и своих предков, живших в разные исторические эпохи.




**Дерево из 117 17-маркерных гаплотипов этнических русских сводной гаплогруппы I по 12 областям Российской Федерации. Справа — молодая ветвь гаплогруппы I2 (3000±380 лет до общего предка), слева — две ветви гаплогруппы I1 (3650±800 и 2850±450 лет до общего предка), и древней гаплогруппы I2 (10500±1100 лет до общего предка)**

Мы уже знаем, что среднее число мутаций на маркер является показателем, как давно жил общий предок серии гаплотипов. Помните, для протославянских 17-маркерных гаплотипов (род R1a) на Русской равнине с общим предком, который жил 4500 лет назад, среднее число мутаций на маркер было 0,277—0,280. А у протославянских же (род I2) гаплотипов — 0,597 мутаций на маркер. Это и дает примерно 10500 лет до общего предка. Только-только начали сходить ледники Великого оледенения.

Теперь используем совершенно другую серию гаплотипов рода I2, 25-маркерных, взятых из базы данных YSearch, про которую шла речь выше. Как видно, принципиальная картина та же, только дерево развернуто в другую сторону, что не имеет никакого значения ни по сути, ни для расчетов. Здесь уже — не только этнические русские, а Восточная Европа — Россия, Украина, Белоруссия, Польша, Литва, Латвия. Здесь возраст молодой ветви — 2650±320 лет, что несколько «моложе», чем для этнических русских (3000±380 лет), но совпадает в пределах погрешности расчетов. Ее базовый гаплотип — тот же самый, если сравнивать по 17 маркерам (из них только 13 пересекаются с 25-маркерным базовым гаплотипом):

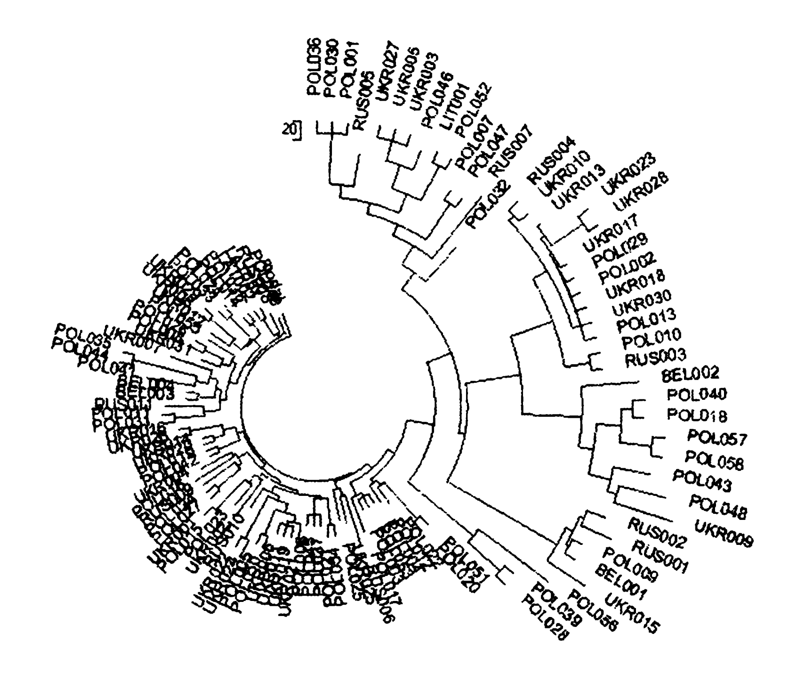
**13 24 16 11 14 15** 11 13 **13 13 11 31 — 17** 8 10 11 11 25 **15 20**
32 12 14 15 15.

Это — так называемая динарская ветвь гаплогруппы I2a, которая едина для всей Восточной Европы, от Греции до Прибалтике, и ее уточненная датировка по протяженным гаплотипам составляет 2350±250 лет до общего предка. Подробнее об этом ниже.

Аналогично, ветвь гаплогруппы I1 возрастом 2850±450 лет в 25-маркерном формате для восточноевропейских, центрально-европейских и атлантических гаплотипов включает все 13 пересекающихся маркеров:

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8 11 23 16 20 28
12 14 15 16.

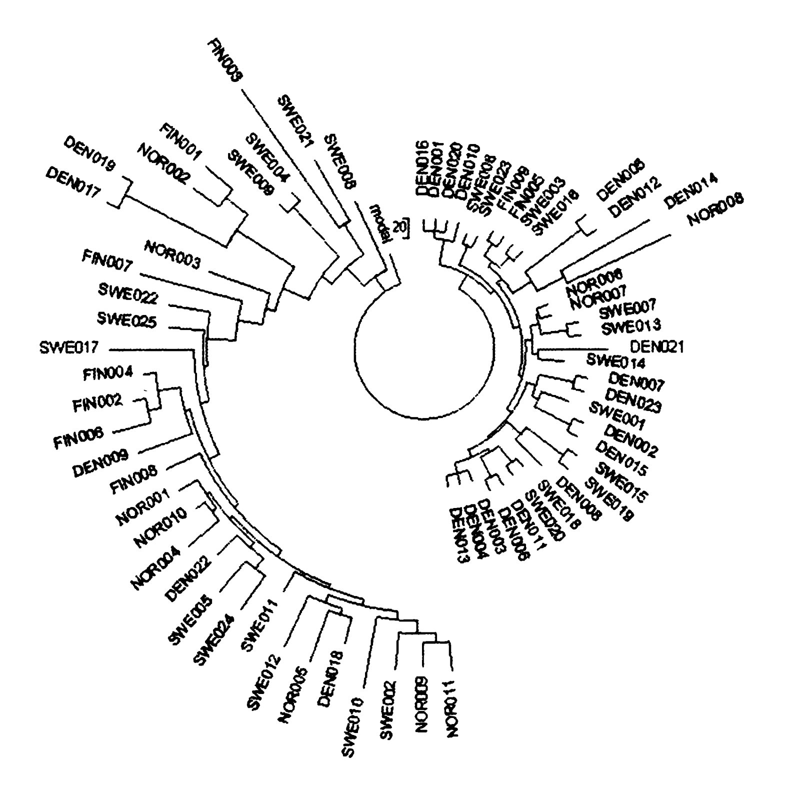
Возраст древней ветви — 10800±1200 лет, что практически совпадает с возрастом ветви I2 для этнических русских (10500±1100 лет). То есть род I2 в Восточной Европе — это один и тот же род, с одними общими предками, независимо от нынешних государственных границ.




**Дерево 25-маркерных гаплотипов Восточной Европы гаплогруппы I2. Дерево состоит из 96 гаплотипов, построено по данным базы данных YSearch. Индексы гаплотипов соответствуют России, Украине, Белоруссии, Польше, Литве, Латвии (последняя — только в «молодой» ветви)**

А вот в Скандинавии общие предки данной гаплогруппы совершенно другие, хотя возраст ветвей тот же. Дерево гаплотипов гаплогруппы I2 Скандинавии приведено на рисунке ниже. Правая ветвь имеет общего предка, который жил 3025±470 лет назад, что в пределах погрешности совпадает с временем жизни общего предка этнических русских «молодой» ветви (3000±380 лет назад), и восточноевропейцев в целом (2650±320 лет назад). Но базовый гаплотип этой скандинавской ветви совершенно другой:

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 15.




**Дерево 25-маркерных скандинавских гаплотипов гаплогруппы I2, построено по данным базы данных YSearch. Дерево состоит из 68 гаплотипов. Индексы гаплотипов соответствуют Швеции, Норвегии, Дании, Финляндии**

Он отличается от восточноевропейского (включая и этнических русских) на 26 мутаций на 25 маркерах (!), что разводит их общих предков на 29 тыс. лет. Это означает, что обнаруживаемая в гаплотипах молодой ветви гаплогруппы I2 картина мутаций — только «верхушка айсберга», то, что биологи называют «прохождением бутылочного горлышка» популяции. От древнего общего предка остались только (чудом) выжившие потомки, которые тысячи лет назад дали побеги новой «молодой» ветви в Скандинавии, другой ветви в Восточной Европе, и только по ним, обрывкам древней по-

пуляции, можно выявить, что сама ДНК-линия гаплогруппы I2 ведется от предка той же гаплогруппы, который жил более 20 тыс. лет назад, видимо, в Европе. Это — времена неандертальцев.

Другим обрывком той же древней ветви является ветвь I2 возрастом примерно 10 тыс. лет (10500±1100 лет у этнических русских и 10800±1200 в Восточной Европе в целом). В Скандинавии эта древняя ветвь (левая ветвь на дереве) тоже совершенно другая, чем у восточноевропейских I2. Их базовые гаплотипы соответственно равны:

13 23 14 10 14 15 11 14 11 12 11 28 — 16 8 9 8 11 24 16 20 28 12 14 14 15,
13 23 15 10 15 15 11 13 11 13 12 29 — 16 8 9 11 11 24 14 20 27 12 14 15 16.

В первой, скандинавской ветви, в среднем 0,509±0,065 мутаций на маркер, что дает 9575±1140 лет до общего предка. Во второй, восточноевропейской ветви — 0,556±0,045 мутаций на маркер, что дает 10800±1200 лет до общего предка.

Между их базовыми гаплотипами — 13 мутаций, что помещает их общего предка примерно на 15 тыс. лет назад. Это все тоже «обрывки» древней линии гаплогруппы I2, а до того — I, древнейшей гаплогруппы в Европе.

Следует отметить, что по виду «молодая» ветвь гаплогруппы I1 действительно оказывается самой «молодой» в сводной гаплогруппе I. Ее общий предок жил 3650 ± 800 лет назад, и имел (базовый) гаплотип в 25-маркерном формате

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28—15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16.

Помимо того, есть небольшая серия гаплотипов рода I1, все европейские (Франция, Англия, Швейцария, Греция, Германия и Польша), которые разбегаются по мутациям настолько, что необходимо примерно 21400 лет для такого разбега. Это и есть минимальный возраст общего предка гаплогруппы I1 в Европе. Общий же предок гаплогрупп I1 и I2, то есть общий предок гаплогруппы I, уходит вглубь более чем на 30 тыс. лет назад, а, вероятно, более 40 тыс. лет назад.

Ожидать, что южнославянские гаплотипы покажут четкую картину распределения по областям, не приходится. Слишком массовыми были миграции за прошедшие тысячелетия, и особенно в последнее, индустриальное время. Так и оказалось, никакой системы не было. Был беспорядочный набор процентного содержания гаплогрупп. Это не удивительно, так как трудно ожидать, что потомки древних племен так и продолжают компактно жить на своих территориях. К тому же и статистика настолько мала, что счет по областям теряет смысл, если только это распределение не является совершенно четким и очевидным. Такого нет.

Наиболее воспроизводимая ветвь гаплогруппы I2a по всем странам Восточной Европы, от Греции до Прибалтики, включая Болгарию, Сербию, Хорватию, Словению, Польшу, Россию, Украину, Белоруссию, Литву — это «динарская» ветвь, которая фактически является восточноевропейской ветвью гаплогруппы I2, с общим предком, жившим 2350±250 лет назад. Есть основания полагать, что она начала расходиться с Восточных Карпат в конце прошлой — начале нашей эры. Ее определенно имели древние славянские племена.

Это же относится к ветви гаплогруппы I1 с общим предком, жившим 3650±800 лет назад. Эти гаплогруппы прошли в Европе «бутылочное горлышко» популяции в диапазоне 4800—4000 лет назад, почти исчезли, и возродились опять, благодаря выжившим представителям рода.

## *Какие же племена могли иметь преобладающие гаплогруппы I1 и I2?*

Напомним некоторые из славянских племен, относимых к X—XIII вв. н.э.: словене новгородские; вятичи; кривичи; полочане; радимичи; дреговичи; тиверцы; уличи; волыняне; поляне; северяне; древляне.

В те времена были еще племена русов, они же россомоны, рюгены, и прочие названия одних и тех же племен. Они, возможно, относились к роду I1, и имели общего предка, жившего 3650±800 лет назад, в те времена, когда арии (R1a) по-

кидали Южный Урал, направляясь в Индию. От этого предка отошла генеалогическая линия с общим предком 2850±450 лет назад, первая половина 1 тыс. до н.э. Эти или похожие гаплотипы имели россомоны. Они и остались в современных этнических русских. Последнее детектируемое расхождение этой ветви произошло всего 950±315 лет назад, примерно в XI в. н.э. Современных потомков этой линии всего около 7% рода I, и около четверти рода I1. Можно только предполагать, что они в основном относились к словенам новгородским, вятичам, кривичам и полочанам.

Племена же юго-западного региона — поляне, древляне, волыняне, уличи, тиверцы, хорваты — это, возможно, носители гаплогруппы I2, общий предок четверти которых жил 10525±1090 лет назад, а остальных трех четвертей — 3000±380 лет назад, на стыке 1-го и 2 тыс. до н.э. Хотя это, конечно, пока только предположение, но отнюдь не безосновательное. Общий же предок рода I, точнее, его нынешних потомков, жил, как упоминалось выше, как минимум 14 тыс. лет назад. Это — древнейшая гаплогруппа Европы. Самые же древние ее предки жили, видимо, во времена неандертальцев, 28—30 тыс. лет назад, но прямые потомки этих древнейших предков до наших времен, видимо, не дошли. Какие у тех племен были на самом деле названия, и были ли они — мы пока не знаем. Но то, что эти племена реально существовали — это вполне вероятно. Не исключено, что приведенные названия славянских родов могут быть поставлены в соответствие найденным базовым гаплотипам. Пока у нас нет к этому данных, но могут помочь изучения ископаемых гаплотипов, или специальные и направленные популяционные исследования.

Одно особое замечание. Итак, похоже, что россомоны, они же руги, рюгены, русы, балтийские славяне, имели гаплогруппу I1. То, что они с начала нашей эры, точнее, с II века, уже жили бок о бок со славянами на юге теперешних Украины и России, может снять многовековое (уже) противоречие между норманнской и славянской гипотезой о происхождении Рюрика и историей о призыве его дружины «из варягов». Вполне возможно, что не норманны они были, а славянские балтийцы, гаплогруппа I1, уже 600 лет как не скандинавы, а наши соотечественники. Хотя имена у них вполне могли быть все еще скандинавские по происхождению — Хельга, Рюрик, Ингмар, Вольдемар, Бравлин. Тем более различных Рюриков

(Руриков) в Южной Балтии и Центральной Европе историки насчитали более десятка. Были Рюрики вагрского, вендского и ободритского происхождения (все названные племена — славянские). Эти сведения зафиксированы в средневековых хрониках и в генеалогиях вендских и ободритских королей.

И тогда не нужно копья ломать. Как вариант — не норманны они были (гаплогруппа N1c1), и не восточные славяне (гаплогруппа R1a), а по сути, славяне балтийские (гаплогруппа I1), прижившиеся на Дону-Донце за многие века. Вот их, своих, и позвали княжить в Новгород, тем более что у них был и боевой опыт, и умение. И не чужаки были. Племя называлось «рус».

Вспомним Лаврентьевскую летопись («Повесть временных лет») — единственный источник о призвании «варягов»: «Пришли варяги. Назвались русью... Язык русьский и словенский один есть». Вот и этническая принадлежность «варягов». В другой редакции, оттуда же: «И пошли (новгородцы) за море к варягам, к руси. Те варяги назывались русью, как другие называются свеи (шведы), а иные урманы (норманны) и агляны (датчане), а еще иные готы (готландцы), — вот так и эти... И от тех варягов прозвалась Русская земля».

Похоже, что то, что варяги были норманнами — это просто придумано в XVIII в. Г.Ф. Миллер, которому много лет оппонировал М.В. Ломоносов, писал: «Если и были на Руси норманны, то они давно растворились среди русского народа, так, что и следов не найдешь».

А гаплогруппы-гаплотипы показывают, только с ними еще много разбираться надо, в том числе и с ископаемыми гаплотипами. Гаплогруппы I1 сейчас 6,5% среди современных этнических русских людей. И Рюрик, если таковой действительно был, тоже мог быть из них. Хотя четкой линии его князей-потомков пока не просматривается.

Но есть еще одна версия — что варяги были носителями гаплогруппы R1a. По сути, картина схожая — многие славяне гаплогруппы R1a ушли на Запад, в Скандинавию, в середине-конце 1 тыс. н.э., но многие продолжали возвращаться, торговать, ходить по Волжско-Каспийскому пути, и возвращаться к себе на острова Балтики — Рюген, Готланд, Аландские острова. Имена могли уже иметь скандинавские, но продолжать быть славянами, говорить на том же языке, что и новгородцы и староладожцы. Видимо, заслужили уважение и признание. Кого-то из них и призвали княжить, с дружиной. Вот и превращение «норманнской» теории в славянскую.

### *Динарская (восточноевропейская) и «островные» ветви гаплогруппы I2a*

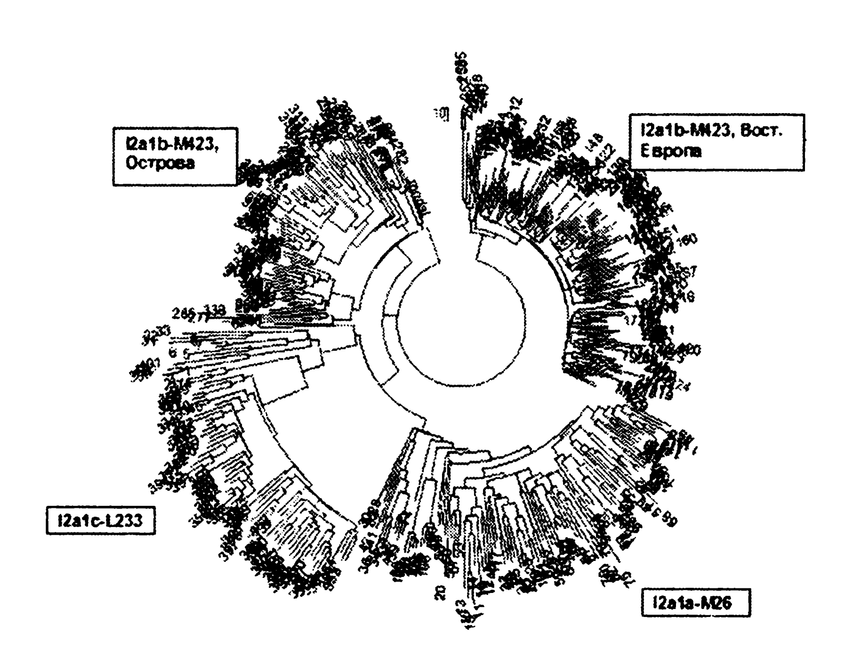
Копнем глубже в происхождение гаплогруппы I2a, а именно ее так называемой «динарской» ветви. Согласно последнему варианту номенклатуры, дерево гаплогруппы I2 выглядит следующим образом:

```
I2  L68, M438
    I2a  L460
      I2a1  P37.2
        I2a1a  L158, L159.1, M26
          I2a1a1  L160
        I2a1b  L178, M423
          I2a1b1  M359.2
          I2a1b2  L161.1
          I2a1b3  L621
            I2a1b3a  L147.2
        I2a1c  L233
      I2a2  L35, L37, L181, M436,
        I2a2a  L34, L36, L59, L368, L622, M223, Z77
          I2a2a1  M284
            I2a2a1a  L126, L137, L369
            I2a2a1b  L1193
          I2a2a2  L701, L702
            I2a2a2a  P78
            I2a2a2b  L699, L703
              I2a2a2b1  L704
          I2a2a3  Z161
            I2a2a3a  L801
              I2a2a3a1  P95
              I2a2a3a2  Z78
                I2a2a3a2a  L1198
                  I2a2a3a2a1  Z190
                    I2a2a3a2a1a  Z79
            I2a2a3b  L623
          I2a2a4  L1229
            I2a2a4a  L812
          I2a2a5  L1228
        I2a2b  L38, L39, L40, L65.1, L272.3
    I2b  L415, L416, L417
    I2c  L596, L597
```

Серым цветом в верхней части дерева выделена так называемая «динарская» ветвь I2a1b-M423 и ее четыре нижестоящих субклада. «Динарской» ее назвали потому, что эта ветвь широко распространена в Динарских Альпах — горной цепи в Юго-Восточной Европе, которая проходит по Балканам — Словении, Хорватии, Боснии и Герцеговине, Сербии,

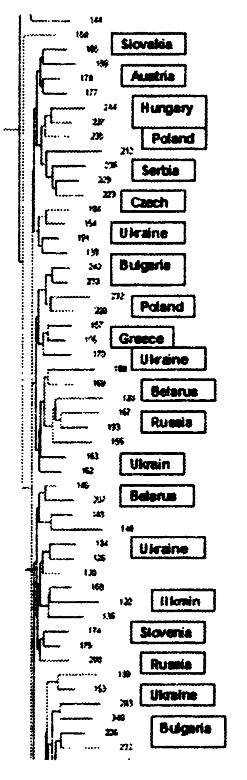
Албании и Черногории. Как будет показано ниже, это название условное и не совсем корректное, поскольку в этой ветви находятся, помимо сербов, македонцев, черногорцев, хорватов, болгар, боснийцев также практически все поляки, белорусы, украинцы, русские, литовцы, латыши, греки, которые к Динарским Альпам не имеют прямого отношения. Таким образом, это не столько динарская ветвь, сколько восточно-европейская. «Динарской» ее можно назвать только потому, что процент этой гаплогруппы на Балканах самый высокий, и достигает трети от всего мужского населения.

На следующем рисунке приведено дерево гаплогруппы I2a (см. схему выше)




Дерево из 395 49-маркерных гаплотипов гаплогруппы I2a. Справа вверху — динарская ветвь (I2a1b-M423) Восточной Европы из 127 гаплотипов. Ниже нее по часовой стрелке — атлантическая ветвь (I2a1a-M26) из 104 гаплотипов, далее атлантическая ветвь (I1a1c-L233) из 60 гаплотипов, и далее, слева вверху, динарская ветвь (I2a1b-M423) Британских островов из 90 гаплотипов

А на линейной диаграмме ниже развернута часть правой верхней, «динарской» ветви. В качестве примера показаны названия стран, в которых носители гаплотипов указали своих самых отдаленных прямых предков, о которых знали. Видно, что это все Восточная Европа.




Фрагмент динарской ветви (справа вверху на полном дереве выше) с отнесением ряд гаплотипов ветви по странам. Все до одного гаплотипы Балканских стран (Сербии, Хорватии, Македонии, Словении, Боснии и Герцеговины, Болгарии, Черногории), а также России, Украины, Белоруссии, Польши, Чехии, Словакии, Венгрии, Литвы, Латвии, Греции из списка в 395 гаплотипов находятся в динарской ветви, I2a1b. Остальные ветви почти исключительно занимают гаплотипы из Англии, Ирландии, Шотландии

*Динарская (восточно-европейская) ветвь, I2a1b-M423*

Все 127 гаплотипов динарской ветви содержат 891 мутацию от 49-маркерного базового гаплотипа

13 24 16 11 11 13 13 13 11 — 17 11 11 25 15 20 32 — 10 10 15
12 18 18 11 10 — 11 8 7 12 10 8 11 9 16 10 12 12 12 7 10 30 21
13 14 10 13 11 11 12 9,

что дает 891/127/0,08=87→94 поколения, или 2350±250 лет до общего предка динарской ветви. Эта ветвь отличается тем, что все до одного гаплотипы Балканских стран (Сербии, Хорватии, Македонии, Словении, Боснии и Герцеговины, Болгарии, Черногории), а также России, Украины, Белоруссии, Польши, Чехии, Словакии, Венгрии, Литвы, Латвии, Греции из списка в 395 гаплотипов находятся в динарской ветви, I2a1b. Остальные ветви почти исключительно занимают гаплотипы из Англии, Ирландии, Шотландии (см. ниже).

*Первая атлантическая ветвь, I2a1a-M26*

Рядом с динарской ветвью, ниже по часовой стрелке, находится ветвь из 104 гаплотипов, почти исключительно с Британских островов, с редкими включениями Франции, Испании, Германии, единичные из Бельгии и Португалии. Гаплотипов из Восточной Европы там нет. Это субклад I2a1a-M26 (в отличие от динарского I2a1b-M423). Базовый гаплотип ветви очень значительно — на 33 мутации — отличается от восточноевропейского (динарского):

13 **23** 16 **10** 11 13 **12** 13 11 — 17 11 11 25 15 **21** **29** — **11** **11** 15
12 18 **19** **12** 10 — 11 8 **8** **11** 10 8 11 **7** 16 **11** 12 12 **14** **8** **12** **22** **20**
13 **13** 10 13 11 11 12 **11**.

Это разводит их общих предков на 33/0,08=413→611 поколений, или 15275 лет. Это не удивительно — разные субклады гаплогруппы I2a1. Все 104 гаплотипа содержат 1492 мутации от данного базового гаплотипа, то есть 1492/104/0,08=179→210 поколений, 5250±540 лет до общего предка западноевропейских (островных, атлантических) гаплотипов (субклада I2a1a-M26).

Общий предок этих двух серий гаплотипов, восточноевропейской (I2a1b) и первой атлантической (I2a1a), который

представлял субклад I2a1-P37.2, жил в Европе (15275+5250 +2350)/2=11400 лет назад, непосредственно после завершения ледникового периода. По какой-то причине его потомков, субклады атлантический и восточноевропейский (динарский), разнесло на два противоположных конца Европы, причем в обоих случаях популяция прошла «бутылочное горлышко», и люди, которые могли бы стать общими предками между 12400 лет назад и 5—2 тыс. лет назад, ими не стали, они пропали, вышли из исторического оборота. Видимо, просто погибли в результате драматических событий, о которых мы только можем догадываться.

*Вторая атлантическая ветвь, I2a1c-L233*

Следующая по часовой стрелке на дереве ветвь из 60 гаплотипов, принадлежащих субкладу I2a1c-L233. Это ветвь молодая (ветвь невысокая), но на самом деле это только «верхушка айсберга», после прохождения ветвью «бутылочного горлышка» популяции. Это становится очевидным при рассмотрении базового гаплотипа ветви:

**13 23 15 10 11 15 12 14 11 — 19 11 11 26 14 18 29 — 10 10 14 10 17 17 12 10 — 11 8 8 11 10 8 12 10 17 10 12 12 16 8 14 27 20 11 14 12 13 10 11 12 11.**

Почти все аллели претерпели изменение по сравнению с «динарским» базовым гаплотипом, и разница составила 46 (!) мутаций на 49 маркерах (0,939 мутаций на маркер, поправочный коэффициент 1,78). Это дает 46/0,08=575→1024 поколения, или 25600 лет между их общими предками.

Видно, что ветвь состоит из двух основных подветвей, каждая со своим общим предком. Все 60 гаплотипов имеют 318 мутаций, что дает 318/60/0,08=66→70 поколений, или 1750±200 лет до общего предка. Общий предок динарской и второй атлантической ветви жил (25600+2350+1750)/2=14850 лет назад.

*Третья атлантическая ветвь, она же разорванный «динарский» субклад I2a1b-M423*

Остаток дерева из 90 гаплотипов, в верхней левой части, принадлежит тому же «динарскому» субкладу I2a1b-M423, который, поэтому, и нельзя называть «динарским субкла-

дом». Собственно, на дереве они находятся рядом друг с другом, в верхней половине. Базовый гаплотип ветви

13 24 **15** 11 11 13 **11** 13 11 — 17 11 11 25 15 20 **30** — 10 10 **17** **13 18 19 12** 10 — 11 8 7 **11** 10 8 **12 10** 16 10 12 12 **15 8 11 24** **20** 13 **12** 10 13 **10** 11 12 **11**.

По сравнению с восточноевропейским (динарским) базовым гаплотипом он имеет 29 мутаций на 49 маркерах. Это дает 20175 лет между их общими предками.

Все 90 гаплотипов имеют 1369 мутаций от базового гаплотипа, что дает 1369/90/0,08=190→225 поколений, или 5625±580 лет до общего предка. Обращает внимание, что эта дата та же самая, что и для первой атлантической ветви, 5250±540 лет, в пределах погрешности расчетов. То есть, обе ветви прошли «бутылочное горлышко» популяции примерно в одно и то же время. Обсуждение этого феномена проведено ниже.

Базовые гаплотипы всех четырех ветвей гаплогруппы I2a в Европе следующие:

13 24 16 11 11 13 13 13 11 — 17 11 11 25 15 20 32 — 10 10 15 12 18 18 11 10 — 11 8 7 12 10 8 11 9 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11 12 9 (I2a1b — В. Европа);
13 24 15 11 11 13 11 13 11 — 17 11 11 25 15 20 30 — 10 10 17 13 18 19 12 10 — 11 8 7 11 10 8 12 10 16 10 12 12 15 8 11 24 20 13 12 10 13 10 11 12 11 (I2a1b — Острова);
13 23 16 10 11 13 12 13 11 — 17 11 11 25 15 21 29 — 11 11 15 12 18 19 12 10 — 11 8 8 11 10 8 11 7 16 11 12 12 14 8 12 22 20 13 13 10 13 11 11 12 11 (I2a1a — Острова);
13 23 15 10 11 15 12 14 11 — 19 11 11 26 14 18 29 — 10 10 14 10 17 17 12 10 — 11 8 8 11 10 8 12 10 17 10 12 12 16 8 14 27 20 11 14 12 13 10 11 12 11 (I2a1c — Острова).

Как было показано выше, попарные их сравнения указывали на время жизни общих предков ветвей 11400, 14850 и 14075 лет назад. Точность на данном этапе здесь не обязательна, это — концептуальные расчеты. Они показывают, как далеко во времени жили общие предки популяций в гаплогруппе I2a1, а ведь это только субклад третьего уровня (ранга) в гаплогруппе I. По нашим расчетам, сводная гаплогруппа

IJK-M523 образовалась около 60 тыс. лет назад (см. диаграмму гаплогрупп в главе 2), сводная гаплогруппа IJ-M429 — 38 тыс. лет назад, гаплогруппа I — 32 тыс. лет назад, и она разошлась на группы I1-M253 и I2-M438 примерно 30 тыс. лет назад. В дальнейшем образовалась I2a-L460, и далее I2a1-P37.2, видимо, примерно 14—15 тыс. лет назад. Их предки, похоже, жили по всей Европе, вплоть до драматических происшествий, разметавших остатки этих субкладов по разным концам Европы. Эти происшествия разорвали генеалогию «динарского» субклада около 5 тыс. лет назад, практически уничтожили популяцию, которая раскололась на две части — островную и восточноевропейскую, и начала возрождение своей генеалогической линии практически сначала. На Островах это началось сразу после драматических событий, в Восточной Европе понадобилось еще 3 тыс. лет выживания, чтобы только в конце нашей эры популяция стала умножаться, причем не в одном месте, не только на Балканах, но по всей Восточной и Юго-Восточной Европе, от Греции и Болгарии до Прибалтики — Польши, Литвы, Латвии, а также Чехии, Словакии, Австрии, Германии, Украины, Белоруссии, России.

Их предков, живших в Европе на исходе ледникового периода и сразу после его завершения, технически можно назвать «протославянами», хотя можно назвать и «протофранцузами», и «протоиспанцами», и «протогерманцами». Такой дифференцировки популяций тогда, конечно, не было, и сейчас они живут по всей Европе, хотя и неравномерно — доля гаплогруппы I2 на Британских островах на уровне единиц процентов, на Балканах — до 30%, на Русской равнине — в среднем примерно 15%. Не исключено, что в древнейших археологических памятниках, как Лепенский Вир и Винча в Сербии, в древних захоронениях давностью 11—7 тыс. лет назад, найдут именно гаплогруппу I2, и тогда ее определенно можно будет назвать «протославянской» в данном контексте. Кстати, время тех драматических событий примерно совпадает с исчезновением археологической культуры Винча. Может, здесь хранится загадка о судьбе культуры Винча?

# Глава 10

# ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ БЕЛОРУССИИ И ЕЕ СХОДСТВО С ДНК-ГЕНЕАЛОГИЕЙ РОССИИ

Изучение истории славянских популяций интересно и с научной, и с общепознавательной точки зрения. Оно активно продолжается последние 200 лет, а то и дольше, принимая во внимание труды и полемику М.В. Ломоносова с его немецкими (в основном) оппонентами. Несмотря на убеждение М.В. Ломоносова: «*Что славенский народ был в нынешних российских пределах еще прежде Рождества Христова, то неоспоримо доказать можно*» (*Ломоносов М. В., Пол. собр. соч. Т. 6. Труды по русской истории, общественно-экономическим вопросам и географии. 1747—1765. — М.-Л.: АН СССР, 1952. С. 22*), высказанное им в известной дискуссии с профессором Г.Ф. Миллером, «немецкая школа» в академических кругах фактически (пока) одержала верх, и в академической науке продолжают считать, что славяне пришли на занимаемые ими сейчас земли в середине 1 тыс. нашей эры. Откуда пришли, где жили их предки до середины 1 тыс., и «прежде Рождества Христова», на каких языках разговаривали — академическая наука ответы пока не сформулировала.

Откуда вообще могут появиться новые убедительные, объективные данные? В этом отношении имелись всего три принципиальных источника информации — археология, письменные материалы (изучение старинных фолиантов, включая легенды-сказания-мифы и др.), лингвистические сведения (включая топонимику, ономастику и т.п.). Принципиально важные сведения из перечисленных источников уже получены предыдущим развитием наук, однако их интерпретация в наше время также приобрела дискуссионный характер.

Научный прогресс предложил новый путь — ДНК-генеалогию, «молекулярную историю». Получаемые данные являются объективными. Они формируются в виде мутаций в ДНК, что дает возможность оперировать гаплогруппами — родами человеческими, и гаплотипами. То есть возникает возможность оперировать объективными генеалогическими «паспортами», которые тысячелетиями и десятками тысяч лет передаются по наследственной цепочке и позволяют видеть древнюю историю, древние миграции в пространстве и во времени. Такой подход дает принципиально новую возможность открыть, описать, и убедить.

На чем же основывается ДНК-генеалогия?

ДНК-генеалогия — новая наука, основы которой созданы в последние годы. Идет прогрессивное накопление экспериментального материала. Новый материал поступает потоком, ежедневно в базы данных включаются десятки и сотни новых «экспериментальных точек», которые по принципу обратной связи корректируют методологию новой науки, что приводит к уточнению методов расчета.

Экспериментальные данные ДНК-генеалогии — это картина мутаций в нерекомбинантных участках мужской половой хромосомы (на самом деле — и в митохондриальной ДНК, но в этом рассказе речь пойдет только о Y-хромосоме, расчетный и интерпретационный аппарат которой значительно более разработан). Эту картину мутаций ДНК-генеалогия рассматривает как в Y-хромосомах отдельных людей, так и их групп, популяций. Методология новой науки — перевод динамической картины мутаций в хронологические показатели, во времена жизни общих предков популяций, а на самом деле — общих предков древних родов и племен. То есть, фактически производится расчет времен, когда в древности жили эти роды и племена. В свою очередь, построение «карты» этих времен по регионам, материкам, континентам позволяет понять миграционные пути наших предков. В отрыве от археологических, антропологических, лингвистических данных ДНК-генеалогия не столь эффективна, поскольку картина мутаций и хронологические расчеты не привязаны к определенным территориям, и часто допускают множественные толкования. Но в совокупности с данными другух исторических и сопряженных наук материалы ДНК-генеалогии

приводят к синергизму в выводах, усиливают выводы, подвергают их перекрестной проверке под неожиданными и необычными углами, и в итоге позволяют отвести одни выводы, сделанные преждевременно и некритично, пусть и «устоявшиеся» в науке, и усилить другие.

Мутации, рассматриваемые в ДНК-генеалогии — это или одиночные (как правило) замены нуклеотидов в ДНК, как, например, аденин на цитозин, или цитозин на тимин, или вставки нуклеотидов, или делеции, или мутации более сложные, при которых ошибка копирующего фермента приводит к переносу целого блока нуклеотидов. Это дает или удлинение серии таких блоков на один (редко — сразу на два-три блока), или их укорачивание. Эти мутации наследуются в поколениях, порой в сотнях и тысячах поколений подряд без изменений, или с небольшими вариациями, и тем самым служат надежными, порой «вечными» метками в ДНК.

Мутации первого типа — SNP (Single Nucleotide Polymorphism), или «снипы», обычно очень стабильны, и их для ДНК-генеалогии отбирают только такие, которые случаются только один раз (два раза — максимум) за историю человечества. Поэтому они являются маркерами родов человечества. Эти роды называют «гаплогруппами», каждая из которых состоит из многих выявленных подгрупп, но все подгруппы несут родо-определяющую (или гаплогруппу-определяющую) SNP-мутацию. Всего в мире насчитывают 20 основных родов, обозначаемых буквами латинского алфавита от *A* до *T*.

Мутации второго типа — STR (Short Tandem Repeat) — значительно более быстрые, и происходят в определенных локусах ДНК (то есть в гаплотипах, которые и есть совокупность выбранных локусов) раз в несколько десятков или сотен поколений. Поэтому гаплотипы ДНК выбирают так, чтобы в них таких локусов было включено как можно больше (но все же оставаясь в рамках практичности). В ранних работах использовались 6-маркерные гаплотипы, затем 12-маркерные, затем 25- и 37-маркерные, а сейчас работа рутинно ведется с 67-маркерными гаплотипами (в академических публикациях, как правило, от 8 до 17 маркерных гаплотипов), а в последние два года — и с 111-маркерными гаплотипами. В 67-маркерных гаплотипах, например, одна мутация

происходит в среднем за 8 поколений, в 111-маркерных — за 5 поколений, то есть примерно раз в 125 лет. Для расчетов за «поколение» принимается интервал времени в 25 лет, и на основании этого интервала происходит калибровка констант скоростей мутации «второго типа», то есть мутаций в гаплотипах.

В этом рассказе были определены 20-маркерные гаплотипы, имеющие несколько нестандартный формат, поэтому их расчет проводился по 17 локусам, так называемому Y-filer, суммарная константа скорости мутации которых хорошо известна.

Поскольку уже доказано, что эти мутации в локусах происходят в основном (или исключительно) неупорядоченно, то к ним оказалось возможным применять правила и подходы химической кинетики (или биологической кинетики, которая базируется на тех же принципах химической кинетики, только в биологических объектах). Каждому маркеру свойственна определенная константа скорости мутации (измеряемая в числе мутаций на маркер на 25 лет, то есть на условное поколение), и каждому гаплотипу (состоящему из набора маркеров) — тоже свойственна определенная средняя константа скорости мутации. Поэтому чем древнее общий предок популяции, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах его потомков по сравнению с ним, тем больше поколений (и лет) отделяет современных потомков от их общего предка, и это число поколений (и лет) рассчитывается методами ДНК-генеалогии. Проблема заключается в том, что начиная примерно с 600 лет до настоящего времени зависимость между общим числом мутаций и временем жизни общего предка становится нелинейной за счет накопления возвратных мутаций, и нужны специальные методологические приемы, чтобы переводить эту нелинейность в хронологические показатели. Арсенал этих приемов отличает ДНК-генеалогию, как по сути дела историческую науку (собственно, генеалогия и есть история), опирающуюся на количественный анализ кинетики накопления мутаций в ДНК, от популяционной генетики, основной задачей который является нахождение связи между генотипом и фенотипом популяции, и генетическим описание главным образом современных популяций в различных регионах.

В классификации ДНК-генеалогии рода, они же гаплогруппы, различаются по мутациям: все без исключения «восточные славяне» (R1a у славян) имеют снип M198 — мутацию цитозина в тимин в определенном участке Y-хромосомы; все «северо-западные славяне» (I1 у славян) имеют снип M253 — мутацию цитозина в тимин в другом участке; все «южные славяне» (I2a1b у славян) имеют снип L460 — мутацию аденина в цитозин в соответствующем участке; все «южно-балтийские славяне» и «угро-финны» — снип M46 (Tat) — мутацию тимина в цитозин в конкретном участке (хотя многие южно-балтийские славяне имеют еще одну мутацию, L550 — мутацию цитозина в тимин — что дает субклад N1c1a1a1, которой нет у финно-угорской ветви).

Перечисленные рода разошлись — от своих общих предков — десятки тысяч лет назад, и вот опять для миллионов людей сошлись у славян. Каждый из перечисленных родов имеет свою структуру, свои ветви популяций, каждая из ветвей имеет свою историю. Например, в Европе насчитывается 38 ветвей гаплогруппы R1a, различающихся по характерной картине мутаций в гаплотипах. Та же гаплогруппа R1a имеет 26 подгрупп, каждая со своим индексом, по состоянию на конец 2012 г.). Самая разветвленная подгруппа (субклад) — Z280, «Центральный евразийский субклад», в который входят шесть SNP подгрупп, каждая — со своим характерным мутацией-снипом, и десять ветвей гаплотипов. В принципе, им должны соответствовать десять SNP мутаций, поскольку характерные ветви должны иметь характерные снипы, но работа по поиску снипов продолжается, и часто поступают новые идентифицированные необратимые мутации, служащие, как было указано, метками, маркерами определенных популяций, фактически расширенных «семей».

Другая характерная гаплогруппа у этнических русских — I, причем в двух подгруппах, I1 и I2, представленных среди славян неодинаково (см. предыдущие главы). Обе подгруппы распространены по всей Европе, причем I1 больше на севере Европы, I2 — больше на юге, в особенности на Балканах, где она часто является наиболее представительной по численности гаплогруппой, потому ее наиболее часто встречающийся там субклад (почти 100% от балканских гаплотипов груп-

пы I2) получил название «динарского» (индекс I2a1b). Этот же субклад почти исключительно представлен у всех славян Восточной Европы. Гаплогруппа I2, наряду с I1 — древнейшие гаплогруппы Европы, но примерно 4500 лет назад носители как I1, так и I2 из Европы исчезли, их остатки бежали на Британские острова и на Русскую равнину, и на двух концах Европы эти гаплогруппы постепенно возрождались. В популяционных науках это называется «прохождением бутылочного горлышка» популяции. Сама же гаплогруппа I появилась (путем соответствующей мутации M170 — мутация аденина в цитозин — у представителя родительской гаплогруппы IJ в соответствующем участке Y-хромосомы) примерно 40 тыс. лет назад, и примерно 30 тыс. лет назад она разошлась на подгруппы I1 и I2.

У обеих гаплогрупп тоже много SNP-подгрупп, у I1 по современной классификации 24 субклада, у I2 — 33 (по состоянию на конец 2012 г.). Но на Русской равнине выявлен почти исключительно «динарский» субклад I2a1b-M423, который впоследствии разошелся на три нижестоящих субклада — M359.2, L161.1, и L621, причем и последний уже показал «дочерний» субклад L147.2.

Наконец, еще одна из наиболее представленных у этнических русских гаплогрупп, N1c1, встречается в среднем в 14% случаев, но от Пскова и выше ее уже более 30%. Соответственно, на юге России этой гаплогруппы мало. Она появилась на Русской равнине последней, в начале-середине 1 тыс. до н.э., пройдя длинный миграционный путь с Урала, а туда — со стороны Алтая через Сибирь. Заняло это по меньшей мере 8 тыс. лет, а сама гаплогруппа N разошлась с гаплогруппой O из сводной (родительской) гаплогруппы NO-M214 примерно 20 тыс. лет назад, когда у одного из носителей NO в Y-хромосоме произошла мутация M231 (rs9341278), которая и положила начало 20-тысячелетней истории рода N.

Теперь подходим к белорусам, важной и неотъемлемой части славян. Из сведений, уже накопленных ДНК-генеалогией, можно ожидать, что структура белорусской популяции в целом вряд ли будет заметно отличаться от русской, украинской или польской. Равно и в отношении истории появления основных гаплогрупп на территории Беларуси нет осно-

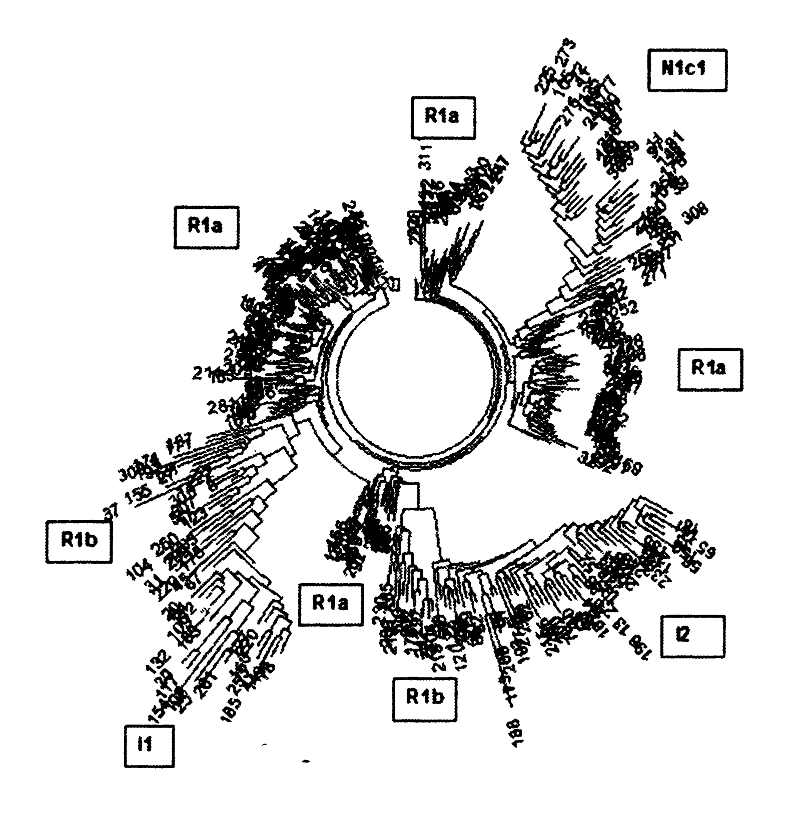
ваний ожидать, что они будут заметно более древними или заметно более молодыми, чем на сопряженных территориях. Общие закономерности заселения европейской территории уже проанализированы и опубликованы, но генетических сведений об этнических белорусах среди них крайне мало.

И вот нам повезло. Оказалось, что ученые Национальной академии наук Беларуси и Центра судебных экспертиз Министерства юстиции Беларуси с участием Института этнографии и фольклора и Института генетики и цитологии НАН Беларуси, собрали большое количество, больше тысячи гаплотипов этнических белорусов. Это в наше время — грандиозное достижение. Работа по исследованию этнических белорусов очень важна, она отражает не только уровень науки в стране, но и понимание мировых приоритетов в научных исследованиях. Работа такого уровня дает возможность для достаточно глубоких обобщений в отношении познания не столько современной структуры белорусского народа (этим занимается популяционная генетика), сколько его этногенеза и связей с другими славянскими народами под углом ДНК-генеалогии.

Таким образом, этот очерк был бы невозможен без плодотворного сотрудничества с белорусскими коллегами, и в первую очередь с И.С. Цыбовским (первый заместитель директора Центра судебных экспертиз и криминалистики Министерства юстиции Республики Беларусь, г. Минск), и его сотрудников А.В. Богачевой, С.А. Котовой, Т.В. Забавской, Н.С. Шахнюк, а также с моими коллегами по Академии ДНК-генеалогии И.Л. Рожанским и А.С. Золотаревым. Большая часть расчетов и построения графиков в этом очерке проведена И.Л. Рожанским, за что ему огромная благодарность.

Образцы ДНК собирали по всей Беларуси, в ее центральном регионе, и по всем направлениям — на севере, юге, западе и востоке (см. далее табл.).

Когда мы построили первое дерево гаплотипов Беларуси по 312 гаплотипам, то сразу прояснилась общая структура белорусской популяции. Ветви тут же характерно разошлись по гаплогруппам, проявились четыре ветви гаплогруппы R1a, две ветви гаплогруппы R1b (древняя, с Русской равнины, и более недавняя, с запада, из Европы). Стало ясно, что толк из анализа будет, тем более из анализа более тысячи гаплотипов.




**Дерево из 312 20-маркерных гаплотипов по шести регионам Беларуси. Показаны основные гаплогруппы**

Приступим.

## *Гаплогруппа R1a (L120)*

Из общего количества в почти 1100 гаплотипов в составе гаплогруппы R1a оказались 551 гаплотип, то есть 51%. Это совпадает в целом со статистикой по соседним славянским народам — русским, украинцам и полякам. Расчет по 545 гаплотипам (которые не имели пропусков) дал в сумме 3143 мутации от следующего базового гаплотипа:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 14 20 11 11 15 11 23.

Это соответствует 5100±520 годам до общего предка, что в пределах погрешности совпадает с величиной 4550±475 лет назад, полученные тем же методом для 258 17-маркерных гаплотипов русских, о чем шла речь в главе 7 настоящей книги.

Но более внимательное рассмотрение показало, что возраст общих предков один и тот же, просто у белорусов и русских немного различаются субклады: у белорусов больше западнославянского субклада (M458), у русских — центрально-евразийского субклада), и вот расчеты «поперек ветвей» и привели к кажущейся разнице в возрасте популяций. Впрочем, все равно в пределах погрешности.

Было бы хорошо провести расчеты по всем ветвям гаплогруппы R1a, но с 20-маркерными гаплотипами это почти невозможно, нужны 67-маркерные. Но, тем не менее, четыре ветви у белорусов удалось идентифицировать. Они показаны на дереве гаплотипов гаплогруппы R1a. Это — центрально-европейская ветвь (M458-L1029), 2900±400 лет от общего предка, базовый гаплотип

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 16 14 20 11 11 17 11 23,

западнославянская (M458-L260), общий предок жил 2700±300 лет назад

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 16 14 20 11 11 16 11 23,

северно-евразийская (Z280-Z92), 2350±300 лет до общего предка,

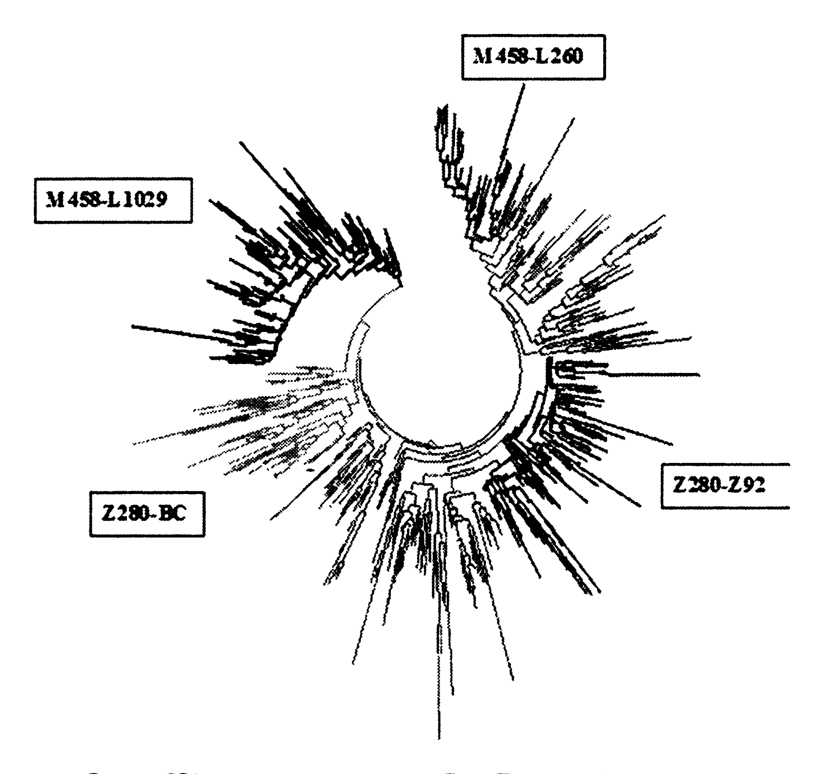
13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 15 14 20 11 12 15 11 24

и балто-карпатская (Z280), 4300±500 лет до общего предка

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 15 14 20 11 11 16 11 23.

Последняя ветвь характерна для Прибалтики, а также польского Поморья, и ее наличие у белорусов вполне закономерно.

Другие принципиальные субклады — «восточный» R1a1a1b2 (Z93), скандинавский R1a1a1b1a3 (Z284) и северо-западный R1a1a1a (L664), присутствуют у всех славянских народов на уровне долей процента, и крайне маловероятно, что белорусы составляют исключение.




Дерево 551 гаплотипа гаплогруппы R1a. По часовой стрелке, начиная сверху, показаны ветви западнославянская (M458-L260, 36 гаплотипов), северная евразийская (Z280-Z92, 128 гаплотипов), балто-карпатская (Z280, специфическая снип-мутация пока не определена, 88 гаплотипов) и центрально-европейская (M458-L1029, 131 гаплотип)

Расчеты дали время до общего предка белорусских гаплотипов группы R1a (как время возникновения общего предка субкладов Z280 и M458), равное 4800±500 лет, а для русских (в основном) это время, рассчитанное по 67-маркерным гаплотипам, равно 5500±600 лет назад, что то же самое (в пределах погрешности). Тем самым положение об одном и том же общем предке носителей R1a у русских и белорусов можно считать доказанным. Естественно, пять тысяч лет назад он не был ни русским, ни белорусом. Вскоре его род двинется на восток, заселит территории современных Беларуси и России, а также сопряженных территорий, и его потомки станут в итоге современными белорусами и русскими гаплогруппы R1a.

### *Гаплогруппа I (M170)*

Сводная гаплогруппа I занимает у белорусов второе место после R1a, охватывая 24% от всей выборки. Дерево имеет довольно простую структуру, и распадается на две однородные ветви с относительно недавними общими предками, а также небольшую (<1% от выборки) группу гаплотипов из других ветвей I2.

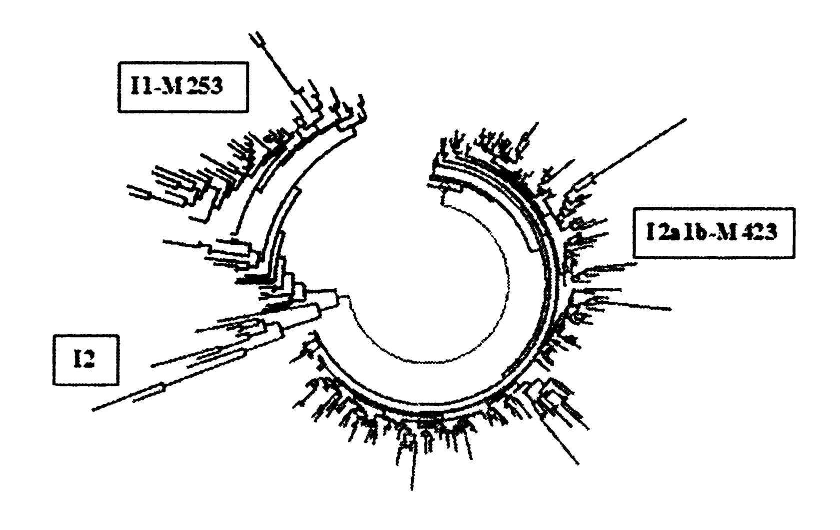
Выборка гаплогруппы I1 у белорусов сходится к общему предку, жившему 3700±450 лет назад, и к базовому гаплотипу:

13 23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 15 16 20 10 10 14 10 22.

Это совпадает с данными по всей гаплогруппе при расчете по протяженным гаплотипам. В 20-маркерном формате ветвь не удается разрешить на дочерние, а потому в данном приближении белорусские I1 можно считать неотличимыми от остальных, которые распределены в основном в северной части Европы.

Еще более однородной является ветвь I2a1b, представленная 194 гаплотипами. Базовый гаплотип ветви:

13 24 16 11 14 15 11 15 13 13 11 31 17 15 20 10 10 15 10 23.



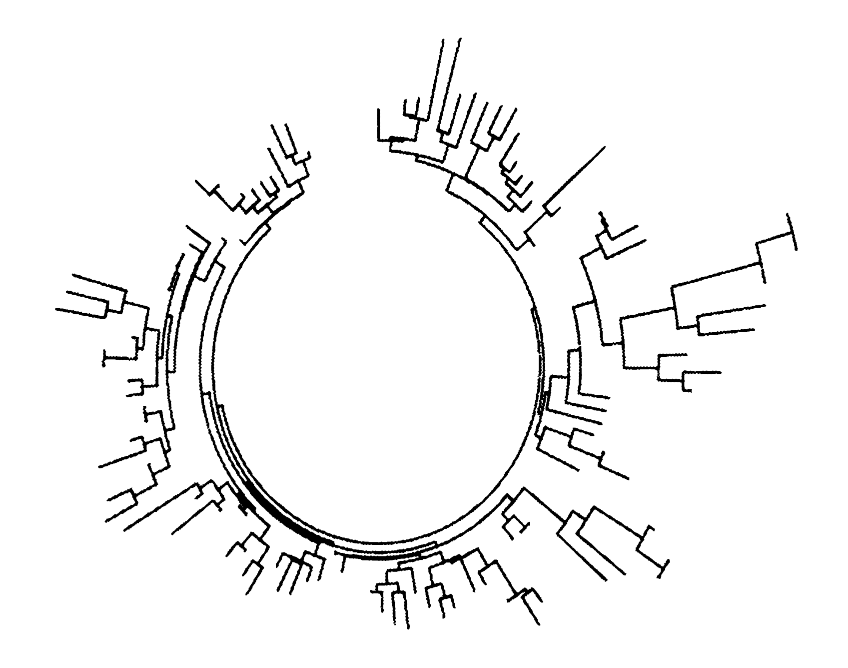

Дерево 262 гаплотипов гаплогруппы I. Показаны гаплогруппа I1 (M253, 61 гаплотип), «динарская» ветвь I2a1b (M423, 194 гаплотипа), и ветви I2, отличные от «динарской» (10 гаплотипов)

Он совпадает с базовым гаплотипом «динарской» ветви, повсеместно встречающейся у славян и достигающей пика распространенности в Боснии и Герцеговине. время до общего предка равно 2200±250 лет. Следовательно, общий предок всех носителей «динарской» ветви I2a1b, вне зависимости от региона, один и тот же, с временем жизни 2200±250 лет назад (см. предыдущую главу книги).

### *Гаплогруппа N1c1 (Tat).*

Подобно ветвям гаплогруппы I, белорусская выборка из 109 гаплотипов N1c1 дает довольно однородное дерево, в котором сложно выделить дочерние подветви. Ее базовый гаплотип:

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 17 14 19 11 11 14 10 21.



Дерево 109 гаплотипов гаплогруппы N1c1

Это — южно-балтийская ветвь (N1c1a1a1-L550), которая в полном 67-маркерном формате имеет следующий базовый гаплотип (отмечены совпадающие аллели):

**14 23** 14 **11 11 13 11 12** 10 **14 14 30** — **17** 9 9 11 12 25 **14 19** 28
14 14 15 15 — **11 11** 18 20 **14** 15 16 19 35 35 14 **10** — 11 8 15 17
8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12 17 7 13 20 21 16 12 11 10 11
11 12 11 (южно-балтийский базовый гаплотип).

В численном отношении доля гаплогруппы N1c1 среди белорусов составляет 10%.

Это заметно меньше, чем среди этнических русских (14%), но больше, если принимать во внимание только ее южно-балтийскую ветвь (40—50% от N1c1 у русских, то есть 6—7 %).

*Гаплогруппа R1b1a2 (M269)*

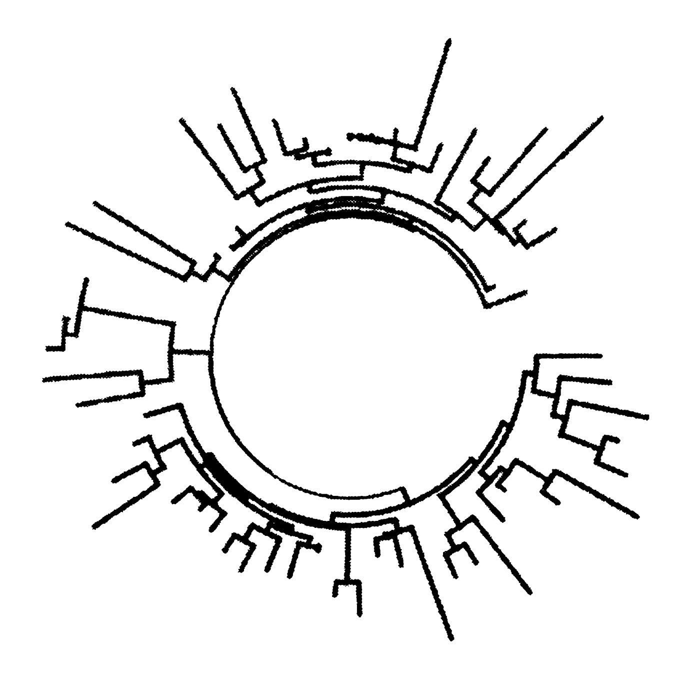
К самой распространенной в Западной Европе гаплогруппе R1b1a2 относится 58 гаплотипов из белорусской выборки (5,3%), что практически совпадает со статистикой у русских (4,8%). Дерево распадается на две ветви, по 29 гаплотипов каждая. Первая сходится к общему предку, жившему 3725±520 лет назад. Ее базовый гаплотип:

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 16 15 19 11 11 15 12 23.

Вторая ветвь имеет практически тот же «возраст», 3825±520 лет, но ее базовый гаплотип отличается на 5 мутаций:

**13 23** 14 **10** 11 14 12 12 12 13 13 29 **17** 15 19 11 11 **16** 12 23.

Первый базовый гаплотип совпадает с соответствующим фрагментом 67-маркерного базового гаплотипа ветви R1b1a2a1 (L150+, L51-) с предком, жившим около 6000 лет назад. Она крайне редко встречается в Западной Европе, но характерна для ряда народов Северного Кавказа и Закавказья (армяне, грузины, ассирийцы, осетины, дагестанцы), Восточной Европы (башкиры, татары, чехи, греки) и Центральной Азии (туркмены, казахи, уйгуры). Второй базовый гаплотип — это один из вариантов европейских ветвей субклада R1b1a2a1a (L51+), которых в текущей классификации насчитывается 155. Разница в 5 мутаций между «западным» и «восточным» базовыми гаплотипами соответствует 4300 годам между ними, и их общему предку, жившему (3725+3825+4300)/2≈5900 лет назад, что в пределах погрешности совпадает со временем жизни предка родительского субклада R1b1a2a1 (L150). Относительно недавнее время жизни предка «восточной» ветви у белорусов, возможно, говорит, что среди них преобладают представители какой-либо из дочерних ветвей этого субклада, пока недостаточно изученного в сравнении с западноевропейскими ветвями.



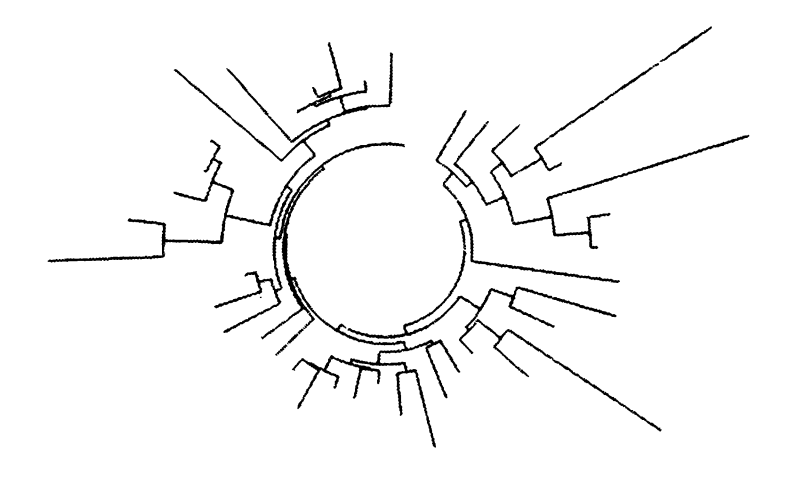
Дерево 58 гаплотипов гаплогруппы R1b1a2. В верхней части находится ветвь, предположительно относящаяся к «восточному» субкладу R1b1a2a1 (L150), в нижней — гаплотипы из западноевропейского субклада R1b1a2a1a (L51)

## *Гаплогруппа E1b1b1 (M35.1)*

Процент носителей гаплогруппы E1b1b1 у белорусов относительно невелик (4%), на том же примерно уровне, что у других европейских народов, не относящихся к средиземноморскому ареалу. Базовый гаплотип:

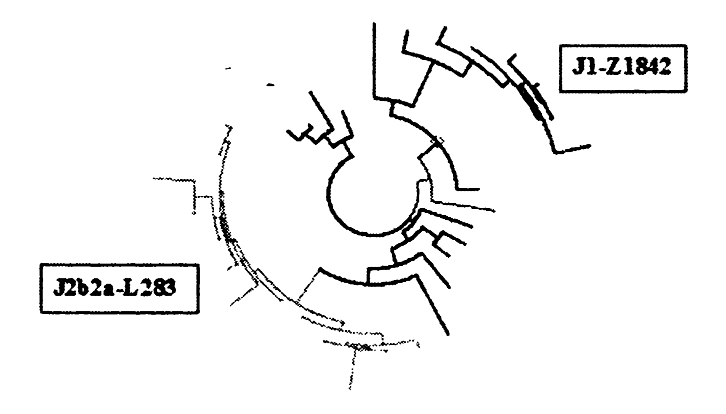
13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 15 14 20 9 11 16 10 21

совпадает с базовым гаплотипом ветви E1b1b1a1b (V13), наиболее представленной в Европе.



Дерево 41 гаплотипа гаплогруппы E1b1b1

## *Гаплогруппа J (P209)*




Дерево 33 гаплотипов гаплогруппы J. Справа вверху находится не имеющая пока индекса ветвь гаплогруппа J1 (Z1842) (8 гаплотипов); слева внизу — ветвь J2b2a (L283) (13 гаплотипов)

К гаплогруппе J в выборке относятся 33 гаплотипа (3,0% от всех). Выделяется ветвь слева внизу из 13 гаплотипов с предком, жившим 3100±600 лет назад, и базовым гаплотипом:

12 24 15 10 **13** 17 11 15 12 12 11 28 16 16 19 11 10 13 9 21.

Он всего на одну мутацию (выделена) отличается от базового гаплотипа ветви J2b2a (L283), имеющей «возраст» 4000±450 лет и рассеянной с низкой частотой по всей Европе, но почти не встречающейся на Ближнем Востоке. Очевидно, 13 белорусов относятся к той же самой довольно редкой европейской ветви гаплогруппы J2.

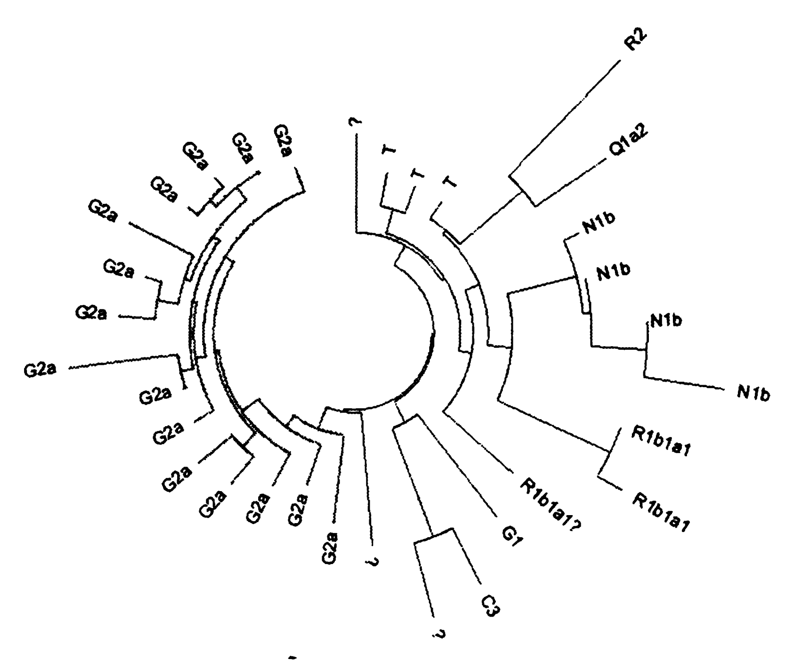
Следы еще одной редкой генеалогической линии обнаруживаются среди носителей гаплогруппы J1, которые образуют довольно компактную ветвь с базовым гаплотипом:

**13 24** 14 10 13 **19** 11 13 **12 13** 11 29 19.2 14 21 11 11 15 10 21.

Общий предок попадает на время 3000±650 лет назад, а базовый гаплотип этой малочисленной ветви на 5 мутаций (выделены) отстоит от базового гаплотипа ветви J1*(DYS388=13), имеющей «возраст» около 5000 лет и характерной для народов Северного Кавказа. Разница в 5 мутаций в данном формате соответствует 4300 годам между гаплотипами, и общий предок белорусской и северокавказской выборок датируется временем (3000+5000+4300)/2=6150 лет назад. Следовательно, носители гаплогруппы J1 в выборке из Беларуси представляют ветвь, родственную или дочернюю к «кавказскому» субкладу.

Вопреки ставшему штампом определению гаплогруппы J1 как семитской, рано отделившаяся ветвь Z1842 практически не имеет в своем составе ни арабов, ни евреев, а потому крайне маловероятно, что рассматриваемые 8 гаплотипов — след евреев ашкенази, составлявших до Первой мировой войны до 20% населения Беларуси. У нее другое происхождение, пока неизвестное.

Остальные гаплотипы, что относятся, по-видимому, к разным ветвям субклада J2a, группируются по 2—3, не образуя выраженных ветвей.




**Дерево 32 гаплотипов из минорных гаплогрупп, перечисленных в названии раздела**

На долю всех остальных гаплогрупп приходится 32 гаплотипа или 3% от всей выборки. Из них 15 относится к гаплогруппе G2a. Их базовый гаплотип можно записать как:

14 22 15 10 14 15 11 12 11 12 11 29 17 16 21 11 11 15 10 21.

Он совпадает с базовым гаплотипом родительской ветви субклада G2a1c2a (P303), характерного для Северного Кавказа, но рассеянного с низкой частотой по всей Европе и, судя по находкам ископаемой ДНК, представлявшего одну из основных генеалогических линий Европы эпохи неолита. Время до общего предка белорусских гаплотипов (7200±1100 лет) совпадает в пределах погрешности с оценкой для суб-

клада P303 (около 6300 лет назад). Очевидно, если не все, то значительная часть носителей этой гаплогруппы в Беларуси относится к субкладу G2a1c2a.

Единичные гаплотипы из других ветвей собраны в правой части дерева. Из них, как минимум, 9 гаплотипов можно отнести к линиям центрально- и восточноазиатского происхождения. Это гаплогруппы C3 (M217), G1 (M342), N1c2b (P43), Q1a2 (M25) и R1b1a1 (M73). Их крайне мало, на уровне долей процента, как и у русских. Да и те, что есть, возможно, достались частично от литовских татар, переселение которых из Крыма в Великое княжество Литовское в XV веке хорошо документировано.

Татары рано утеряли свой язык, перейдя на старобелорусский, а часть их крестилась, слившись тем самым с белорусами.

* * *

Итак, у белорусов представлены те же самые Y-хромосомные линии, что и у русских, с теми же самыми общими древними предками. Следовательно, оба восточнославянских народа близки по своему происхождению, поскольку восходят к одним и тем же группам древних этносов. Различия касаются в основном процентного соотношения этих линий, а также географического распределения для некоторых из них. Следует понимать, что хотя выявленные в генетической структуре этнических белорусов и русских гаплотипы сводятся во времени к общим древним предкам (с приведенными базовыми гаплотипами), однако это не означает, что данные предки проживали (и проживали ли?) на территориях, занимаемыми современными этносами. Вопрос, какие конкретно из потомков древних генеалогических линий в конце концов осели на той или иной территории, более сложный. Анализ географического распределения Y-хромосомных линий более четко иллюстрирует данную проблему.

Статистически значимые результаты такого анализа можно получить из табл. 1, где собраны данные по славянским народам, а также ближайшим соседям белорусов — литовцам.

Таблица 1. Распределение основных гаплогрупп и ветвей у славян и литовцев (%) [по данным И.Л. Рожанского и белорусского научного коллектива криминалистов]. A — юго-запад Беларуси, B — северо-запад, C — центр и север, D — юг и юго-восток

| Этнос | Белорусы | | | | | Русские | Поляки | Хорваты | Литовцы |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Зона | A | B | C | D | Всего | | | | |
| N | 122 | 178 | 351 | 435 | 1086 | 545 | 825 | 1100 | 256 |
| R1a-Z280 | 18,9 | 20,2 | 14,2 | 13,6 | 15,5 | 21,5 | 21,1 | 22,0 | 13,6 |
| R1a-CE | 13,1 | 9,6 | 12,3 | 12,6 | 12,1 | 6,0 | 9,4 | ... | 5,0 |
| R1a-NEA2 | 9,8 | 11,8 | 13,4 | 11,0 | 11,8 | 10,8 | 1,7 | ... | 7,2 |
| R1a-BC | 3,3 | 6,7 | 8,5 | 9,7 | 8,1 | 6,4 | 5,7 | ... | 7,9 |
| R1a-WS | 1,6 | 4,5 | 4,0 | 2,8 | 3,3 | 3,2 | 17,2 | ... | 1,4 |
| I2a1b | 17,2 | 7,9 | 16,5 | 23,2 | 17,9 | 11,7 | 6,4 | 37,8 | 3,5 |
| N1c1 | 7,4 | 14,6 | 11,7 | 7,8 | 10,1 | 14,3 | 5,8 | 0,4 | 46,5 |
| I1 | 9,8 | 6,7 | 3,7 | 5,5 | 5,6 | 9,5 | 7,5 | 5,5 | 5,5 |
| R1b1a2 | 8,2 | 8,4 | 4,8 | 3,7 | 5,3 | 4,8 | 12,6 | 7,9 | 3,9 |
| E1b1b1 | 2,5 | 2,8 | 4,3 | 4,1 | 3,8 | 2,9 | 2,7 | 10,7 | 0,8 |
| J2 | 4,1 | 1,1 | 2,6 | 2,1 | 2,3 | 2,9 | 3,6 | 6,2 | 1,6 |
| G2a | 0,8 | 1,7 | 0,6 | 2,1 | 1,4 | 1,8 | 1,3 | 2,7 | 1,2 |
| J1 | 0,8 | 0,6 | 0,9 | 0,7 | 0,7 | 0,9 | 0,2 | 1,1 | 0,0 |
| I2a2 | 0,0 | 0,6 | 1,4 | 0,2 | 0,6 | 0,2 | 2,2 | 1,5 | 1,2 |
| Прочие | 2,5 | 2,8 | 1,1 | 0,9 | 1,5 | 2,9 | 2,4 | 4,2 | 0,8 |

Обозначения ветвей R1a: CE — центрально-европейская, WS — западнославянская, NEA2 — северная евразийская (Z280+, Z92+), подветвь с предком 2350±300 лет назад, BC — балто-карпатская, Z280 — остальные ветви субклада, неразличимые в 20-маркерном формате. Статистика по полякам получена с польского проекта FTDNA. Распределение гаплотипов R1a по ветвям было получено путем анализа базы данных IRAKAZ, содержащей 3126 гаплотипов R1a длиной 67 маркеров и более

Поскольку распределение некоторых генеалогических линий на территории Беларуси имеет явно выраженный градиент (I2a1b, R1a-Z280, табл. 1), использование при анализе усредненных значений будет заведомо некорректным. По этой причине места сбора образцов были поделены на три зоны: зона В — северо-западная территория, непосредственно примыкающая к Литве; зона С, занимающая центр Беларуси и часть Поозерья; и зона D, охватывающую Полесье и южную часть Поднепровья. В дополнение к ним, три самых западных места сбора — Волковыск, Кобрин и Береза (часть Западного Полесья и южная часть Понеманья), были выделены в зону А.

В распределении ветвей по зонам хорошо видно особое положение зоны В, граничащей с Литвой. Там заметно снижен процент носителей ветви I2a1b (8% против 18% в среднем по Беларуси) и повышено представительство N1c1 (15 и 10%, соответственно). По мере удаления от Литвы (зоны С и D) процент носителей N1c1 закономерно снижается, а I2a1b — растет. Если сравнить эти данные со статистикой по литовцам (4% I2a1b и 47% N1c1), то очевидно, что такую тенденцию можно объяснить вкладом древних балтских этносов в этногенез белорусов. Об этом говорит и тот факт, что в коммерческих базах данных носители гаплогруппы N1c1 как у литовцев, так и у белорусов, представлены исключительно южно-балтийской ветвью (L550+), в то время как у русских, в состав которых входят потомки ассимилированных финно-угорских народов, эта ветвь составляет не более 40—50% от всех носителей N1c1. Эти данные также позволяют предположить, что вклад финно-угорских народов Русской равнины в этногенез белорусов был минимальным, если не отсутствовал вообще.

Ветви гаплогруппы R1a не показывают статистически значимых корреляций с географией — они распределены по территории Беларуси достаточно равномерно. Несколько особое положение занимает северная евразийская ветвь (Z92) — одна из основных генеалогических линий белорусов, русских и литовцев, но редко встречающаяся у западных и южных славян. В зоне А, граничащей с Польшей, можно также отметить более высокую долю носителей гаплогрупп I1 и R1b1a2 — 10 и 8% против 6 и 5% в среднем по Беларуси, со-

ответственно. Остальные генеалогические линии, что сообща охватывают 10% белорусов, слишком малочисленны, чтобы делать подобные оценки.

Белорусы занимают «стратегически» важный регион между балтами на севере и украинцами на юге, между поляками и русскими на западе и востоке, соответственно, и к северу от Карпат, по которым в древности проходили многочисленные миграции славянских племен. Совместный анализ датировок и распределения генеалогических линий у белорусов и соседних народов дает возможность очертить несколько волн заселения, которые внесли свой вклад в этногенез современных белорусов. Самые ранние датировки прослеживаются примерно с 4300 лет назад, когда начался рост балто-карпатской ветви R1a, а также родительских ветвей западной и центральной евразийской ветвей того же субклада Z280, К той же волне, скорее всего, относится и большинство носителей гаплогруппы I1 у белорусов и русских. Эту волну можно условно назвать автохтонной, поскольку генеалогические линии тех, кто ранее жил на этой территории до того, пресеклись, и их Y-хромосомные гаплогруппы нам неизвестны.

Следующая по счету волна связана с ростом южно-балтийской ветви N1c1, начавшимся 2700±300 лет назад. В настоящее время пик распространенности этой ветви приходится на Литву и Латвию, но это не обязательно означает, что ее предок жил именно там. Гаплогруппа N1c1 имеет азиатское происхождение, а потому не менее вероятно, что ее южно-балтийская ветвь сформировалась где-то восточнее, и на берега Балтийского моря ее носители пришли несколько позже. Поскольку пути и датировки миграции соответствующих этносов пока неизвестны, эту волну затруднительно соотнести с какой либо из современных ей археологических культур.

Наконец, третья ключевая датировка попадает на середину-конец 1 тыс. до н.э. Она соответствует быстрому росту «динарской» ветви I2a1b (2200±250 лет назад), северной евразийской ветви R1a (2350±250 лет назад), а также нескольких дочерних ветвей субклада Z280, что не выделяются на дереве 20-маркерных гаплотипов, но были охарактеризованы по протяженным гаплотипам. Судя по географическому распределению этих линий, их рост шел из разных центров.

Скорее, это были встречные миграции с юга или юго-запада (I2a1b и часть ветвей Z280) и со стороны Балтики (северная евразийская ветвь R1a). Очень возможно, что последняя зародилось в Беларуси.

Не совсем ясна картина с субкладом M458, ветви которого начали выделяться раньше (3000—2700 лет назад), но, судя по пику в Чехии и Польше, а затем спаду их численности в восточном направлении, носители этого заметно отстоящего от Z280 субклада могли появиться на территории Беларуси позже. Возможно, с той же волной расселения, что и упоминавшиеся выше ветви. Представители этих генеалогических линий составляют сейчас основу всех без исключения славянских народов, как современных, так и подвергшихся ассимиляции, и влившихся в состав немцев, венгров, румын, греков, турок. Есть все основания связать эту цепь демографических событий с миграциями славян и распространением славянских языков.

Как видно из анализа датировок и географии, сомнительно, чтобы все эти родственные, но все же разные народы подпадали под одну и ту же археологическую культуру. Этим, видимо, и объясняются безуспешные попытки привязать прародину славян к какому-то конкретному месту и дате. Их формирование было растянуто во времени и пространстве, как можно судить по сумме доказательств. Детали этого процесса еще предстоит выяснить, но несомненно, что территория Беларуси играла в нем одну из ключевых ролей. В любом случае, Беларусь составляет единую славянскую зону со славянами Восточной Европы по данным ДНК-генеалогии с точки зрения истории миграций и времен жизни общих предков ДНК-генеалогических линий.

# Глава 11

# СЕ — ЧЕЛОВЕК

## *ЧАСТЬ ПЕРВАЯ — О МУЖЧИНАХ*

Разрешите представиться. Я — *13-24-16-11-11-15-12-12-10-13-11-30,* Это по отцовской линии. По материнской — *16519C, 263G, 309.1C, 315. 1C, 477C.*

Это — то, что я на самом деле имею. Это мой настоящий паспорт. Моя идентификация. Мой гаплотип. Все остальное в жизни я мог выбрать — по своему желанию или по обстоятельствам. Но не наследственный код, записанный в моей ДНК.

Эти два ряда цифр уходят во тьму веков и тысячелетий. Первый набор цифр я получил от своего отца, он — от своего отца, тот — от своего, моего прадеда. И так далее, на глубину примерно 160 тыс. лет. Туда, к моему предку 160 тыс. лет назад, сходятся все прямые генеалогические нити от всех живущих сегодня мужчин. Он — прямой праотец всех мужчин на сегодняшней Земле.

Правда, в последнее время картина с первопредком усложнилась. Оказалось, вопреки тому, что нам твердили последние 20 лет, наши предки вышли не из Африки. Кроме того, в Африке были обнаружены еще ДНК-линии, которые уходят гораздо глубже 160 тыс. лет назад, возможно, что и на глубину 300 тыс. лет назад или больше, и не имеют к нам, европейцам, вообще почти никакого отношения. Вот они, по-видимому, и есть настоящие древнейшие африканцы, но мы от них не произошли.

Тем не менее, первопредка остальной части человечества условно называют «хромосомным Адамом». Конечно, он не был первым человеком, первым мужчиной на Земле. Просто остальные, кроме его прямых предков, в том числе старше его на тысячелетия, на десятки и сотни тысяч лет, не выжили, не оставили мужского потомства, или потомст-

во оборвалось на протяжении этих тысячелетий. Войны, сражения, убийства, болезни, рождение только дочерей, ранняя смерть сыновей — все это терминирует прямую мужскую генеалогическую линию. Тысячи таких терминирований происходят сегодня, каждый день. Но тысячи каждый день получают продолжение, с рождением каждого мальчика.

Первая цепочка цифр передается только мужчинам. Они, эти цифры, передают в привычной для нас арифметической системе определенные последовательности нуклеотидов в нашей мужской хромосоме Y, которой нет у женщин. Эти последовательности очень консервативные, и не мутируют многие поколения. Они записаны в так называемых «никчемных» последовательностях хромосом, которые ничего не кодируют. Но они, эти последовательности, с поразительной точностью копируются от отца к сыну, из поколения в поколение.

У женщин — своя система. Второй ряд цифр, приведенный в самом верхнем абзаце, передает расположение нуклеотидов в короткой цепочке митохондриальной ДНК. Какой такой митохондриальной ДНК — об этом речь позже. Главное — что эти последовательности передаются тоже с поразительной точностью от матери — дочери. Дочь получила их от своей матери, та — от своей. И так далее, на глубину примерно 180 тыс. лет. Туда, к «митохондриальной Еве» сходятся все прямые генеалогические нити от всех живущих сегодня людей. Она — прямая прамама всех людей на сегодняшней Земле. Да, и женщин, и мужчин. Потому что та цепочка ДНК, передающаяся от матери дочери, передается в том же виде и сыну.

Так что наша Ева никогда не встречала нашего Адама. А почему митохондриальная Ева старше хромосомного Адама — на то есть причины. Женщины в целом дольше живут. Их меньше выбивали на войнах. И, самое главное — что женская генеалогическая информация хотя и терминируется на мальчиках, но девочкам-то передается, а те передают ее своим детям, как девочкам, так и мальчикам. Так что сыновья эту информацию хоть и не передают, но сохраняют.

Все люди на Земле — генетические и генеалогические родственники. Все (или почти все) произошли от одного предка по мужской линии, и от одной — по женской. Остальные, как уже было сказано, не выжили. Все мужчины на Зем-

ле, все 100%, имеют вот такой набор маркеров в той самой «никчемной» части ДНК:

DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393.

Это — минимальный набор, который обычно рассматривают в ДНК-генеалогии. Но на самом деле маркеров в ДНК-генеалогии гораздо больше, несколько сотен. Все они имеют присвоенные им номера, которые особенного смысла не имеют. Просто номера по принятой классификации. Эти «маркеры» еще называют «локусы», и с ними связаны такие понятия, как «микросателлиты», или STRs, short tandem repeats. Почему repeats, то есть повторы, они же аллели — об этом чуть ниже.

Этот набор еще называют «научным», потому что именно его на заре ДНК-генеалогии, всего несколько лет назад, использовали в научных публикациях. В ДНК-генеалогии чаще используют 12-маркерный набор, например, тот, который приведен в самом начале этого рассказа. Для более детальных описаний — 25-маркерный, 37-маркерный, 67-маркерный, или даже 111-маркерный, который сейчас становится наиболее популярным. В принципе, каждому мужчине можно выдать «паспорт», состоящий из сотен таких цифр, но это пока не имеет практического значения.

Эти наборы сохранились в наших ДНК от самых первых мужчин, которые смогли передать нам всем свою генеалогическую память, и потомство которых выжило 160 тыс. лет назад, и пронесло эти маркеры до настоящего времени.

DYS расшифровывается как «ДНК Y Сегмент», по-английски DNA Y Segment. Y — это та самая мужская половая хромосома, о которой речь шла выше. Мою ДНК анализировали по 111 маркерам, первые двенадцать из которых приведены в начале статьи. Я мог бы привести и все 111 цифр, но всему свое время.

Хотя, впрочем, пожалуйста:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34
15 15 16 16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11
10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11
12 13 31 15 9 15 12 25 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30
12 14 25 13 9 10 18 15 20 12 24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17
9 11 11.

«А что такое «анализировали»?» — спросит любознательный читатель.

А вот что. Сама хромосома Y — относительно невелика по сравнению с другими хромосомами человека. Все 46 хромосом, 23 пары, в совокупности состоят из трех миллиардов нуклеотидов, и в их составе примерно 30 тысяч генов. Стало быть, в среднем по 65 миллионов нуклеотидов и по 652 гена на хромосому. Хромосома Y состоит из 50 миллионов нуклеотидов, и в ней — всего 40 генов. Остальная часть — некодирующая, «никчемная». Оказалось, в этой «никчемной» части имеются некие загадочные повторы нуклеотидов. Например, шестнадцать раз повторяется квадруплет ТАГА (тимин — аденин — гуанин — аденин). Вот так:

ТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГАТАГ
АТАГАТАГА.

Или — одиннадцать раз триплет ТАТ (тимин — аденин — тимин). Ну, суть ясна. Оказалось, что эти повторы могут служить генеалогическими маркерами. Потому что эти повторы одинаковы у меня и моего отца. И моего дедушки. И дедушки его дедушки. И так далее, в ту самую глубину веков. А у другого человека, не моего прямого родственника, число этих повторов уже другое, хотя сам маркер — тот же.

На самом деле, если пройти в глубь веков, число повторов будет немного различаться, и именно это делает возможной ДНК-генеалогию. Потому что если бы у всех было одинаково, то и у любого другого человека было бы то же самое. И тогда не было бы ДНК-генеалогии. Но в жизни абсолютного постоянства нет. Об этом немного позже.

Число повторов в генетике называют «аллелями», но не будем насыщать этот рассказ научными терминами. Пусть будут «повторы».

Квадруплетный маркер ТАГА (в повторах) носит номер DYS19. Все мужчины на Земле имеют этот маркер, но в повторах от 11 до 19 раз подряд (их называют «тандемные повторы»). У меня этот маркер повторяется 16 раз подряд (третий по счету в моем гаплотипе выше). А, скажем, у Томаса Джефферсона, третьего президента США — 15 раз. То есть по этому одному маркеру мы с Джефферсоном удалены ге-

неалогически на один шаг. По другому маркеру, DYS392, повторяющемуся триплету ТАТ, у меня 11 повторов подряд (11-й по счету в моем гаплотипе). У Джефферсона, раз уж мы взяли его за сравнение — 15 раз. То есть дистанция выросла до пяти шагов только по двум маркерам. Из этого уже можно сразу сказать, что он не мой близкий родственник. В смысле, что наш с Джефферсоном общий предок жил десятки тысяч лет назад, и ближе по времени общих предков у меня с ним уже не было. Потому что для «научных» наборов из шести маркеров дистанция в один шаг — это уже в среднем три тысячи лет до общего предка. А тут на двух маркерах пять шагов — десятки тысяч лет разницы.

Так вот, генеалогический анализ хромосомы Y — это и есть определение числа повторов в каждом маркере. Результатом является гаплотип конкретного человека, например, в том виде, который записан в самом начале этого рассказа, и расширен чуть выше. Раньше анализ проводили по 12 или 25 маркерам, но уже не проводят, сместились к более протяженным, 37 маркерам (сейчас это стоит в американской тестирующей компании 169 долларов, хотя недавно было 260 долларов) или 67 маркерам (сейчас — 268 долларов, снизилось с 350 долларов), но для того, чтобы платить такие ощутимые деньги, нужно понимать, что эти анализы могут дать и зачем они нужны.

Самая известная компания, которая делает эти тесты — FamilyTree DNA, которая находится в Техасе, США (http://www.familytreedna.com/).

Итак, подводим промежуточный итог. «Мужской» генеалогический анализ, или определение гаплотипа, можно проводить по определенному набору маркеров. Чем набор больше, тем точнее, но и дороже. Результат даст вам возможность найти своих родственников, имеющих одного общего предка, и оценить, насколько этот наш общий предок удален во времени. Масштаб удаления — сотни, тысячи, десятки тысяч лет, в зависимости от «генеалогической дистанции».

Но надо понимать, что найти родственников по одному своему гаплотипу — это что искать иголку в стоге сена. Может и повезти, конечно, но лучше использовать иголкоискатель. А точнее — профессиональные методы ДНК-генеалогии, которыми владеют специалисты.

А почему так, спросит читатель? — Ведь даже 12-маркерный гаплотип, говорят, почти уникальный. Хорошо, разберемся, что такое здесь «почти». В 12-маркерном гаплотипе, приведенном в самом начале рассказа — это типичный «славянский» гаплотип жителей России, Украины, Белоруссии, Польши, в также многих литовцев, чехов, словаков, немцев, индусов — так что не такой уж он и «славянский», как выясняется, потому и взят в кавычки, так вот, в нем половина аллелей (это — цифры в нем) почти у всех одинаковы. Это и первая 13, и четвертая 11, и седьмая 12, и восьмая 12, и десятая 13, и одиннадцатая 11. У других этносов (а, точнее, гаплогрупп) — другие, а у половины мужчин-славян России, например, практически одинаковы. И у половины поляков, и у половины украинцев и белорусов, и у одной шестой индусов, то есть на круг только перечисленных — 150 миллионов человек. И у подавляющего большинства из этих 150 миллионов вариации идут только по шести маркерам из 12. Если приложить немного математики, то вероятность совпадения по всем 12 маркерам — примерно 6%. То есть у шестерых из 100 — совпадут. Вывод — из 150 миллионов человек у 9 миллионов будут одинаковые 12-маркерные гаплотипы. Вот и ищите родственников.

А если перейти на 67-маркерные гаплотипы, то совпадения будут только у семерых из этих 150 миллионов человек. Совсем другое дело. Иначе говоря, случайного совпадения просто не может быть. Если совпало, или в пределах одной-двух мутаций — точно родственник, в пределах 200—400 лет до общего предка. Потому и искать родственников надо на 67-маркерных гаплотипах, а не на 12-маркерных.

А почему число повторов в маркерах разное, и какое это имеет отношение к удаленности общего предка? А то, что чем дальше предок во времени, тем большее количество мутаций произошло в его хромосомах, и, в частности, в тех самых маркерах. Фермент, считывающий число повторов в зоне маркеров, работает исключительно точно. Представляете — пилит фермент вдоль квадруплетного повтора ТАГА, каждая из идентичных четверок повторяется, скажем, шестнадцать раз (DYS19=16), в сумме 64 однообразных остатка, и наш фермент ни разу не ошибается, воспроизводя — реплицируя — эту тандемную цепочку. То есть не ошибается

пятнадцать поколений, около четырехсот лет. И вдруг бац — ошибся. Напутал. Повторил не 16 раз, как завещали предки, а 15 или 17. Мутация. Shit happens, как говорят американцы.

И родился мальчик с другим числом повторов данного маркера, сам того не подозревая. И, когда подрастет, родятся у него мальчики уже с DYS19=15 или DYS19=17, смотря по тому, в какую сторону произошла мутация. И если племя этого мальчика, ставшего к тому времени мужем, и оставившего мужское потомство, успешно передвинется в новые края, то вместе с ними передвинется и DYS19=17, по пути приобретая новые мутации в среднем одну на каждые несколько поколений. Так образуются гаплогруппы — характерные картины повторов в маркерах ДНК, присущие группам населения, плюс дополнительные метки-мутации.

При этом маркеров много, и мутации в каждом происходят с разной вероятностью во времени. В каждом маркере как бы свои часы, со своим текущим положением стрелок. И вот совокупность этих стрелок по всем маркерам и дает индивидуальность того «паспорта», о котором шла речь в самом начале. Да еще и циферблаты разные — у каждого рода — свой. Эти разные циферблаты и есть дополнительные метки-мутации. То есть у каждого рода — своя гаплогруппа.

Чем более изолирована группа — тем более характерна и четка гаплогруппа. Но даже и при перемешивании групп населения гаплогруппы достаточно легко прослеживаются, поскольку отражают гаплотипы наших далеких предков, живших тысячелетия назад. То есть люди перемешались, а их гаплотипы — нет. Они, повторяю, неизбежно передаются из поколения в поколение.

Так что добавим к нашему «промежуточному итогу» — помимо возможностей найти родственников по прямой нисходящей мужской линии и оценить, примерно, когда жил наш общий с найденным родственником предок — еще возможность найти, к какой исторической общности людей, к каким племенам относились наши предки. Современная наука пока не знает, откуда вышли наши самые далекие предки вида Homo sapiens, «человек разумный», под «подозрением» — и Европа, и Ближний Восток, и Азия, некоторые продолжают считать, что Африка — но это самая слабая гипотеза. В любом случае, люди стали расходиться от места формирования

человека разумного, или формировали его на ходу, в ходе миграций, и двинулись кто в Европу, кто в Сибирь, кто, перейдя Берингов пролив (в то время — посуху), распространились по Америкам, иные прошли вдоль Гималаев в нынешние Китай и Юго-Восточную Азию и оттуда переправились в Полинезию. Именно анализ гаплотипов показал, что неправ был Тур Хейердал, не из Южной Америки, а из Азии заселилась Полинезия.

И генеалогический анализ нашей Y-хромосомы позволяет ясно видеть отблески тысячелетней истории наших предков. Не предков вообще, а наших, каждого в отдельности прямых предков. Наших прародителей.

### *История в лицах*

К настоящему времени база данных по маркерам Y-хромосомы составляет примерно 500 тысяч данных. Пока — капля в море, меньше одной десятой процента мужского населения мира. Но уже с помощью компьютера можно получить интересные данные. Мои первые 12 маркеров были введены в эту базу данных, и компьютер показал восемнадцать человек с абсолютно точным совпадением по всем 12 маркерам и по повторам в каждом из них. То есть этот мой конкретный гаплотип делят со мной 17 человек. Кто такие? Имена — вовсе не Иванов-Петров-Сидоров. Хотя есть Окулов, Арбузов, Фефелов, Шупенко. С другой стороны, по 12 маркерам наш общий предок всех 18 человек — а что он был, и относительно недавно в историческом масштабе, несомненно — мог жить и 5 тыс. лет тому назад. То, что он был — несомненно, потому что все 18 человек относятся к одному роду — R1a, а у каждого рода был общий предок. Более строгие расчеты показывают, что совпадение двух 12-маркерных гаплотипов помещает общего предка этих двух человек на 625±625 лет назад. С одним человеком из этого списка у меня две мутации на 25-маркерных гаплотипах, то есть общий предок жил 550±390 лет назад. Как такие данные рассчитываются, я здесь пояснять не буду, иначе это усложнит рассказ. В общем, имена тех, у кого со мной полное совпадение по 12 маркерам: Виктор Окулов (Россия); Владимир Арбузов (Россия); Алек-

сандр Шупенко (Россия); Фефелов (Россия); Timothy Meese (Англия); Wayne Henderson (Англия); Michael Halfman (Германия); James Cashner (Эльзас-Лотарингия, Германия); David Schmidt (Gohrau, Германия); Cedric Grifin (Англия); Alvin Benson (Норвегия); Lukasz Burczynski (Польша); G. Moga (Индия); Donald Stonefeld (Англия); Serge Lariviere (Канада); Wagner (страна неизвестна); Mustafa Camlica (Турция).

Понятно, что если бы охват по тестируемым был не 30 тыс. человек (столько тестировались на гаплогруппу R1a), а 30 млн., то список был бы в тысячу раз длиннее. Но пока что есть, то есть. Да, еще есть Эрик Римехаут, норвежец, с кем у меня два отклонения на 16 маркерах, и три отклонения — на 21 маркере. Его самый далекий известный прямой предок Эйкли Хермунд родился в 1515 году в городке Гол в Норвегии, прожил 65 лет.

Ну, хорошо. А как насчет того, чтобы проверить гораздо более жестко — по 25 маркерам? Сузить поиск?

Оказался родственник — один, и то с двумя шагами (мутациями) в сторону. Что для 25 маркеров — просто почти родной. Кстати, это объясняет, что 37 маркеров мне пока в этом отношении пользы не принесли. Как и 67 маркеров. С 25 — и то не густо.

Да, к моему родственнику, Михаэлю Хафману. Живет в Германии. Его наиболее удаленный во времени предок, о котором имеются достоверные сведения — Хейнрих Хафман, родился в 1790 году в Германии. Прожил, чертяка, в те времена 70 лет. Статистически, с учетом двух мутаций на 25 маркерах, наш с Михаэлем общий предок родился задолго до Хейнриха, 550±390 лет назад, как я указал выше, то есть ориентировочно в интервале от 940 до 160 лет назад. Ну, на 430 лет назад я своих предков знаю, так что до того времени вряд ли. Хотя нельзя гарантировать, что кто-то из моих кровных родственников не попал в плен, и не унесло его в Германию. Либо, напротив, занесло моего прямого предка в XI—XIV вв. в Россию (вспомним Ван-Дорна, он же Фандорин), чтобы в 1575 году в России родился Иван Клёсов, сын боярский, которому в 1636 году царским указом за рейтарскую службу дали надел в 300 гектаров на Курщине, и который дал жизнь — по прямой линии — сыну Кирею, тот — Сергею, тот — Кондрату, тот — Афанасию, тот — Парамону,

тот — Федору, тот — Авксентию, тот — Василию, тот — Илье, тот — Ермолаю, тот — Ивану, тот — Алексею, а тот — Анатолию, стало быть, мне. Либо моего прямого предка тысячу лет назад или несколько позже занесло в Европу, и его (пра)правнуком стал Хейнрих, а потом и Михаэль Хафман — сие мне пока неизвестно.

А на самом деле, скорее всего, было вовсе не так. Потому что все мы, с моей гаплогруппой — потомки одного рода ариев (R1a), и наш общий предок жил на территории нынешних России и Украины примерно 4900 лет назад. И предок наш отправился с сородичами-ариями походами и в Центральную Европу, и на юг, до Ближнего Востока, и в Иран, и в Индию. И везде разнес нашу, праславянскую (на Русской равнине) гаплогруппу и наши гаплотипы. И живут их потомки, а значит, члены нашего рода, и на Западе, и на Юге, и на Востоке. А род ариев — потому что именно этот род, точнее, его часть, пришел в Индию 3500 лет назад именно под именем ариев. И в Иран в те же времена — и опять под тем же именем. Через тысячу лет после того Дарий I, ахеменидский царь, выбил на барельефе в Накш-и-Рустаме: «Я, Дарий, великий царь, царь царей... арий, сын ария».

И дата 4900 лет назад не с потолка взята, а из наших же гаплотипов (см. первый рассказ в этой книге). Потому что мутации в них тикают как часы, с размеренной средней скоростью, что и позволяет вычислить время, когда они в наших гаплотипах начали тикать. А именно, с нашего общего предка. Об этом речь в других рассказах в этой книге, и довольно подробно.

И вот к чему это приводит. Давайте посмотрим не на точные совпадения с моими 12 маркерами, а на те, которые отклоняются всего на один шаг. Всего на одну мутацию. Это — более информативное сопоставление, времени-то от нашего общего предка прошло немало, тысячи лет. Вот мутации и набежали. Так какая география моих сородичей-ариев? 26 человек.

Одну мутацию на моих 12 маркерах имеют 15 человек из России, по 7 из Польши, Германии и Норвегии, 6 из Финляндии, по 4 из Литвы, Англии-Ирландии, Швеции, 2 из Пакистана. А также из Сирии и Шри-Ланки. Вот уже география походов ариев стала проясняться. А если по два отклонения, две мутации?

35 человек — Польша, 27 — Германия, 25 — Шотландия, 22 — Индия, 20 — Россия, 18 — Англия, 14 — Украина, 13 — Норвегия, по 10 — Греция и Италия.

Вот он, арийский ареал. Иной спросит — а Индия-то причем? 22 человека — не шутка. Не случайность, таких случайностей не бывает. Так Индия — наши прямые родственники. 100 миллионов мужчин в Индии — наш народ, тот, которого в России больше половины, с гаплогруппой R1a. Их еще по старинке, а ныне политкорректно именуют «индоевропейцы». А на самом деле арии они, пусть потомки. Как и мы, славяне, R1a. Так наш древний род именуют в научных трудах.

На самом деле родственников у меня значительно больше, с теми же гаплотипами, но их потомки пока не сдавали ДНК на анализ.

А те, кто сдал, что могут видеть? А вот что. Взглянем опять на классический минимальный набор маркеров

DYS 19 — 388 — 390 — 391 — 392 — 393,

и на то, сколько повторов (то есть какая аллель) имеется в каждом маркере для разных групп людей. Напомним, что характерный рисунок этих повторов, в виде конкретных гаплотипов, определяет гаплогруппу, то есть генеалогическую общность людей, несущих одну потомственную характерную метку в ДНК.

Наиболее известный европейский гаплотип — так называемый «Атлантический модальный гаплотип» (АМГ), поскольку он характерен для многих людей, живущих вблизи Атлантического океана. Число повторов маркеров такое:

14 — 12 — 24 — 11 — 13 — 13.

Более правильная, но более громоздкая запись была бы такой:

DYS19=14, DYS388=12, DYS390=24, DYS391=11, DYS392=13, DYS393=13.

Этот гаплотип принадлежит к гаплогруппе R1b.

У меня соответствующие шесть цифр следующие:

16 — 12 — 24 — 11 — 11 — 13.

Как видно, я отклоняюсь от атлантического гаплотипа на четыре шага при шести маркерах. У меня — та же гаплогруппа R1, но другая подгруппа (R1a), но об этом ниже.

### *Продолжение истории в лицах. О президентах, царях и завоевателях*

Томаса Джефферсона я уже упоминал, показав два его маркера в числе повторов. Приведем его гаплотип, или «подпись», как иногда говорят генетики:

13 — 24 — 15 — 10 — X — X — X — 12 — X — 12 — 15 — 27.

Здесь — более длинная цепочка аллелей (повторов), чем я приводил выше, поскольку она записана в стандартной системе 12 маркеров. Но у Джефферсона (точнее, у его ныне живущих родственников) четыре из этих 12 не определялись, и я просто поставил вместо них ничего не значащие буквы. Эти стандартные 12 маркеров в правильном порядке следующие:

DYS#383 — 390 — 19 — 391 — 385a — 385b — 426 — 388 — 439 — 389-1 — 392 — 389-2

У меня они такие:

13-24-16-11-11-15-12-12-10-13-11-30.

Как видим, суммарно мой гаплотип по восьми маркерам отходит от гаплотипа Джефферсона на десять шагов. В среднем 1,25 мутаций на маркер. Это значит, что наш общий предок удален примерно на 50 тыс. лет (если считать правильно, с поправками). Его нет и близко.

Посмотрим на гаплотип Чингисхана (точнее, тот, который приписывают Чингисхану). Он для меня интересен вдвойне. Согласно молве, татаро-монголы, пройдя Русь огнем и мечом,

сильно изменили генетический профиль русского народа, за исключением северных русских. Ну-ка, посмотрим, есть ли в моем гаплотипе монгол. Поскольку генеалогический рисунок Y-хромосомы передается только по мужской линии, всего один монгол за триста лет ига оставил бы неизгладимый след в своем потомстве. В общем-то, я уже знаю путь моих прямых предков из Европы на Русскую равнину, а их братьев и племянников в черноморские и каспийские степи, и далее на восток, юго-восток и на юг, до Индийского океана, о чем расскажу позже, и в Монголию моих предков не заносило, но все-таки... Итак, гаплотип Чингисхана:

13-25-16-10-12-13-11-14-10-13-11-29.

Отстоит от моего на 9 шагов, то есть в среднем 0,75 мутаций на маркер. Это — как минимум 15 тыс. лет разницы, а на самом деле те же 50 тыс. лет. Но поскольку вопрос принципиальный, представим гаплотип хана в 25-маркерном варианте. Это — значительно более точная оценка:

13-25-16-10-12-13-11-14-10-13-11-29-18-8-8-11-12-26-14-22-27-11-11-12-16.

Мой 25-маркерный гаплотип:

13-24-16-11-11-15-12-12-10-13-11-30-16-9-10-11-11-24-14-20-34-15-15-16-16.

38 мутаций на 25 маркерах, 1,52 мутации на маркер. Еще дальше, чем от Джефферсона. Зашкаливает по всем критериям. То есть не то что далеко, а дальше некуда. Да и гаплогруппа другая, у меня R1a, у него C3. Мои с монголами предки, судя по всему, только из Африки вместе выходили, да и то, как недавно выяснилось, не было в Африке предков ни европейцев, ни монголов. Так что не повезло татаро-монголам с моими прабабушками, не дались они. Или молва преувеличивает масштабы тех событий.

Посмотрим на 12-маркерный гаплотип И. Сталина:

14-23-15-9-15-16-11-12-11-11-10-28.

17 шагов в сторону от моего на 12 маркерах. 1,42 мутации на маркер. А на 25-маркерном гаплотипе Сталина —

14-23-15-9-15-16-11-12-11-11-10-28-17-9-9-11-11-25-16-21-28-13-13-14-14

39 отклонений, 1,56 мутаций на маркер. Оказалось, дальше есть куда, в сравнении с Чингисханом. Да и гаплогруппа у Сталина другая, G2a. Это все — и гаплотип, и гаплогруппу, определили у внука Сталина, который согласился помочь науке. Действительно, и то, и другое характерны для осетин.

Да и между Чингисханом и Сталиным дистанция тоже огромна — 35 отклонений на 25-маркерных гаплотипах.

А вот гаплотип Пржевальского. Это тот, которого лошадь.

13-25-15-11-11-15-12-12-10-13-11-30.

Вот это другой разговор. Сравните с моим:

13-24-16-11-11-15-12-12-10-13-11-30.

Всего два отклонения на 12 маркерах. И понятно почему — мы с Н.М. Пржевальским принадлежим к одному роду, R1a, к которому принадлежит большинство русских. Это отклонение соответствует примерно 2300 лет до общего нашего с ним предка, то есть близко к началу нашей эры. А общий предок нас, восточных славян России, гаплотипы которых известны, жил 4900 лет назад, как уже было упомянуто выше. Когда больше русских узнают свои гаплотипы, эта дата будет уточнена.

Пока рассмотрим интересный маркер, DYS388, второй по счету в «научной» записи, или восьмой в «стандартной». У «коренных» европейцев (обратите внимание на примеры выше) там обычно 12 повторов, как и у восточных славян. У выходцев с Ближнего Востока там часто 15 или 16 повторов (один из признаков гаплогруппы J1 или J2). Например, как в «Модальном гаплотипе коэнов» (МГК), «классическом» гаплотипе ближневосточных евреев и их современных по-

томков, как ашкенази, так и сефардов. В 6-маркерном варианте этот гаплотип выглядит так:

14-16-23-10-11-12.

А в 12-маркерном расщепляется на два гаплотипа (маркеры, где произошло расщепление, выделены):

12-23-14-10-13-**17**-11-16-**11**-13-11-**31**,
12-23-14-10-13-**15**-11-16-**12**-13-11-**30**.

Прародитель этой генеалогической группы жил на Ближнем Востоке 4000 лет тому назад, а оба «гаплотипа коэнов» возникли уже в нашей эре, один примерно 1650 лет назад, другой — 1000 лет назад. Первый (верхний) повел действительно священник, коэн, второй — похоже, выживший в VII в. н.э. прямой потомок царя Давида. Коэном по рождению он не был, но принял этот титул согласно традиции, как уважаемый человек при отсутствии в сообществе «легитимных» коэнов. Так получается, хотя надо, конечно, уточнять.

Перейдем к еврейской тематике.

### *О евреях и палестинских арабах*

Кстати, о модальном гаплотипе коэнов:

14-16-23-10-11-12.

Он является действительно частым среди еврейских священников, коэнов, и в целом характерен среди евреев ближневосточного происхождения. Этот гаплотип почти отсутствует среди практически всех других народностей (кроме арабов), и что любопытно — его очень мало среди палестинских арабов, да и то, что есть — случайности мутаций. Но зато его много у бедуинов, и появился он как минимум 9 тыс. лет назад. Так что Авраам, или как его звали на самом деле, общий патриарх евреев и арабов, его от бедуинов унаследовал, и передал по цепочке поколений и евреям, и арабам. И, естест-

венно, среди евреев — коэнам, через своего потомка Аарона, брата Моисея.

Термин «модальный гаплотип» часто вносит путаницу. Обычно «модальным» гаплотипом называют тот, что наиболее часто встречается в той или иной популяции. Правильно было бы говорить «предковый» гаплотип, но его мы часто не знаем. Поэтому в ДНК-генеалогии принят термин «базовый гаплотип», то есть максимально приближенный к предковому, или сам предковый, когда это выяснено. А модальным гаплотипом можно назвать тот, который наиболее часто встречается, например, в Москве. Он вообще может оказаться китайским или азербайджанским. Шутка, конечно, но в каждой шутке есть доля правды.

А вот и «модальный» гаплотип палестинских арабов:

14-17-22-11-11-12.

Три шага в сторону от коэнов всего на шести маркерах, что значит — примерно 5 тыс. лет от общего предка. А на более протяженных гаплотипах получается более точно, 4 тыс. лет до общего предка евреев и арабов. Случайно или нет — это время жизни библейского Авраама, как следует из анализа библейских текстов. Так что легенда легендой, но основания у нее могут быть. Как я упомянул, не обязательно общего предка евреев и арабов звали Авраам, но такой определенно был, 4 тыс. лет назад.

А как насчет бедуинов? У них два «модальных» гаплотипа:

14-15-23-10-11-13,
14-16-23-10-11-12.

Второй — «модальный гаплотип коэнов». Мы видим всю абсурдность этого названия. У первого — два шага в сторону от второго на шести маркерах. Ближе, чем палестинцы, но все равно 3200 лет от общего предка. Три мутации дали бы 5 тыс. лет. Вот и погрешность определения на таких коротких гаплотипах. На самом деле — те же 4 тыс. лет, в соответствующей погрешностью.

Ну ладно, вот курдские мусульмане:

14-15-23-10-11-12.

Один шаг в сторону. Уже теплее. Но совпадения все равно нет.

Раз уж мы заговорили о евреях, то заметим, что среди евреев-мужчин выделяются несколько групп, которые оставили свой ранний след в ДНК-генеалогии — коэны (наследственные высшие священники), левиты (другая группа наследственных служителей обрядов) и израэлиты, к которым принадлежат 90% евреев, в том числе ашкенази (европейские евреи), сефарды (североафриканские и пиренейские евреи) и остальные евреи. Эфиопские евреи и народность Лемба в Южной Африке, которые себя причисляли к евреям, и о чем они — по их словам — знали с незапамятных времен, евреями по генеалогическим корням совсем не оказались. Первые — просто эфиопы, как и все эфиопы, вторые — арабы, йеменцы.

Так как насчет моей гаплогруппы, R1a? С одной стороны, мои ДНК-генеалогические корни в Европе, с другой стороны — есть некоторые сходства с западно- и восточноевропейскими гаплотипами. Куда я ближе? И сколько вообще гаплогрупп?

### *История гаплогруппы R1a*

Эта история подробно рассказана в первых двух главах этой книги, и в последующих, так что не буду повторяться. Если коротко напомнить — то мои предки появились в составе так называемой бета-гаплогруппы, или сводной гаплогруппы ВТ, из которой и отделились все гаплогруппы от В до Т, на протяжении как минимум 30 тыс. лет. А сама бета-гаплогруппа появилась примерно 65 тыс. лет назад. По мере расхождения людей по разным направлениям, формировались рода, которые и есть гаплогруппы. Мой будущий род который тогда был гаплогруппой К, отошел от сводной гаплогруппы IJK, и направился за лучшей долей на восток, тогда как род I ушел на запад, в Европу, а род J — на юг, в Месопотамию. Из этой диспозиции можно предположить, что расходились они из из Европы, или с Русской равнины. Скептики могут заголосить, что вот, мол, опять Россия на первом месте, но на то они и скептики. Пусть попробуют сами выдвинуть наименее противоречивую историю исходных мигра-

ций гаплогрупп, но на это надеяться не приходиться. Скептики сами ничего не выдвигают. На то они и скептики.

Так вот, по пути на восток от гаплогруппы K отошли рода NO и P, причем гаплогруппа P, видимо, образовалась уже в Южной Сибири. От нее отделились гаплогруппы Q и R, это — тоже европеоидные группы, как и IJK, и поначалу NO, и P. По каким-то причинам, пока неясным, N и Q стали в значительной степени монголоидными, O стала восточноазиатской, а P осталась европеоидной, как и образовавшиеся из нее гаплогруппы R, и затем R1, R1a, R1b. Два последних рода совершили грандиозный по масштабам поход в Европу, первый по южной географической дуге — через Тибет, Индостан, Иранское плато, Анатолию, и прибыли на Балканы 10—9 тыс. лет назад, вторые — по северной дуге, через Южный Урал, Северный Казахстан, среднюю Волгу, и далее, разойдясь по разным направлениям, взяли Европу в клещи между 4800 и 4500 лет назад, и начали агрессивное расселение. Практически все гаплогруппы «Старой Европы» или исчезли, или бежали в разных направлениях. Бежала (или организованно отошла) на восток и гаплогруппа R1a, прибыв на Русскую равнину примерно 4900 лет назад. Это были арии, которые уже через несколько веков разойдутся с Русской равнины на восток, откуда частью двинутся в Индию, как индоарии, частью в Зауралье, вплоть до Алтая и Китая, а также на юго-восток, через Среднюю Азию на Иранское плато, как авестийские арии, и на Ближний Восток, как митаннийские арии.

А остальные носители гаплогруппы R1a останутся жить на Русской равнине, оставив там многие археологические культуры, и в 1 тыс. до н.э., 3000—2000 тысячи лет назад, отправятся опять перезаселять Европу. Потому почти все гаплотипы R1a в Европе — с Русской равнины, праславянские. В итоге большинство европейских ветвей гаплогруппы R1a присутствуют и в нынешней Российской Федерации, а доля гаплогруппы R1a в РФ достигает 63%, а местами и выше, да и не везде измеряли.

Вот почему огромная «индоевропейская полоса» гаплогрупп R1a, если использовать лингвистический термин, протянулась от запада Европы до Индии и Ирана. На самом деле это наложение многих миграций гаплогруппы R1a — сначала древних миграций из Европы на Равнину, затем с Равнины

по разным направлениям, включая в Индию, и затем опять с Равнины — уже в Европу. Так Европа перешла на единую языковую семью — арийскую, которую потом по политическим соображениям назвали индоевропейской. Вот и связка между Европой и Индией, которую проложила гаплогруппа R1a.

Таким образом, на Балканах, и далее на Русской равнине, мои прямые предки говорили на языке, который положил начало индоевропейской семье языков, включающей английский, французский, немецкий, русский, испанский, греческий, несколько индийских языков, таких как бенгали и хинду, многочисленную группу иранских языков, и много других. Правда, по иронии судьбы, а точнее, по прихоти (или по незнанию) лингвистов язык моих прямых предков назвали «иранским», только потому, что «иранские» языки лингвисты изучали более детально, и не имели понятия, что этот язык на самом деле принесен на Иранское нагорье моими прямыми предками, которые называли себя ариями. Под этим именем они и пришли в Индию и Иран.

По справедливости, это иранские языки следовало было назвать «арийскими», и тогда не было бы таких ситуаций, когда живших на Днепре, на Дону, в Причерноморье современные историки, лингвисты, археологи считают говорившими на «иранских языках», как «иранцами» именуют скифов и сарматов, которые отродясь в Иране не были. По той же причине жителей уральского Аркаима (3800—3600 лет назад) именуют «индоиранцами», хотя их ни в Индии, ни в Иране и в проекте не было. Но консерватизм и косность — вещи упрямые, и лингвисты и археологи продолжают держаться за эти давно устаревшие термины, оправдываясь, что они ни Индию, ни Иран не имеют в виду, а «так принято». В смысле, так когда-то назвали, не зная истинных причин, так и повелось, что наши предки были якобы «иранцами». Не любят почему-то наши историки и лингвисты ничего славянского до нашей эры, видимо, до смерти боятся, что шовинистами назовут. Пусть уж лучше славяне будут «иранцами», так спокойнее.

Как бы там ни было, а сотни миллионов людей, живущих в Европе, особенно на севере Франции и в Англии, Шотландии, Германии, Швеции, в Прибалтике, Украине и Белоруссии, в Индии и Иране, на Ближнем Востоке и Аравийском

полуострове, и в России вплоть до Сибири и Дальнего Востока, являются потомками этой гаплогруппы R1a. Моей гаплогруппы. Нашей, славянской, если говорить о территориях, где говорят на славянских языках.

А часть сводной гаплогруппы P, как я уже рассказывал, из Южной Сибири стала гаплогруппой Q и ушла дальше на север, в ледники, в итоге стала эскимосами, часть посуху перешли на Аляску и стали американскими индейцами. Но у них были уже другие субклады-маркеры.

Пошли бы мои прямые предки дальше на северо-восток — быть бы мне эскимосом. Перебрались бы через пролив с Аляской — быть бы мне американским индейцем. Пошли бы южнее — быть бы мне индусом, китайцем, а то и полинезийцем.

Не судьба...

# Глава 12

# СЕ — ЧЕЛОВЕК

## *ЧАСТЬ ВТОРАЯ — О ЖЕНЩИНАХ*

В отличие от мужчин, у женщин нет Y-хромосомы. Женская секс-хромосомная пара состоит из XX хромосом. Мужская — из XY хромосом. Сперматозоид равновероятно несет только одну — либо X, либо Y хромосому. Проскочит в яйцеклетку X — быть девочке. Проскочит Y — стало быть, мальчик, с его возможностями генеалогического анализа Y-хромосомы, как описано в предыдущей главе.

А как быть женщинам? Может, у них можно X-хромосому так же анализировать?

Нельзя. Потому что X-хромосомы у женщин перетасовываются. Одна получена от мамы, вторая — от папы. Поди разберись, какие там предки и от кого.

В любом случае, к женщинам опять нужен свой подход. И природа его предоставила.

Помимо ДНК хромосом, которые хранятся в ядре каждой клетки, молекулы ДНК находятся также в митохондриях. Митохондрии — это маленькие образования, плавающие во внутриклеточной жидкости, в цитоплазме. Их — от нескольких сотен до нескольких тысяч, даже до десятков тысяч на каждую клетку. И в каждой — короткая молекула ДНК, в виде несимметричного кольца. Длина ее — всего 16 с половиной тысяч нуклеотидов. Сравните с мужской хромосомой Y, которая в три тысячи раз длиннее, 58 миллионов нуклеотидов.

Митохондриальная ДНК (мтДНК) состоит из двух частей — выпирающая в сторону петля, и остаток кольца. Оказалось, эта петля является носителем генеалогической информации, не хуже, чем у мужчин, но совершенно по-другому.

В мтДНК нет таких тандемных повторов, как в Y-хромосоме. Там нет подобных маркеров, о которых шел рассказ в

первой части. Но мутации — есть. Время от времени, причем намного реже, чем у мужчин, считывающий фермент ошибается и вместо одного нуклеотида вставляет другой. Или вообще вставляет лишний. Поэтому мутации записываются, например, так — 1651C. Поскольку известно, что в «стандартной» мтДНК нуклеотид под номером 1651 — тимин (Т), сразу ясно, что в этом положении тимин заменен на С (цитозин). Или запись такая: 315.1C. Это значит, что после 315-го нуклеотида в «стандартную» цепь вставлен один лишний цитозин.

Иначе говоря, у мужчин ДНК-генеалогия основана на изменении числа повторов определенных маркеров в хромосомной ДНК, а у женщин — на разовых нарушениях одиночных нуклеотидов в митохондриальной ДНК. То есть совершенно другой принцип. Маркеров как таковых у женщин нет, вся петля ДНК — один сплошной маркер. А сравнивают — со «стандартной» мтДНК.

Поскольку мтДНК в основном некодирующая, то эти мутации в петле ни к чему жизненно важному не приводят. Просто запись в генетической книге учета.

А что такое «стандартная» мтДНК? С чем сравнивают-то?

А это так получилось. В 1981 году генетики в нашем Кембридже, заречном пригороде Бостона, были готовы провести первое определение последовательности, или «первичной структуры» мтДНК. Нужна была любая плацента, клетки которой крайне богаты митохондриями. А в соседнем госпитале как раз рожала женщина. Взяли ее плаценту, выделили митохондрии, оттуда — мтДНК, и провели полный анализ ее последовательности. Поскольку это была первая последовательность мтДНК — ее и взяли за международный стандарт. И мутации в последовательности отсчитывают от нее.

Впоследствии оказалось, что эта стандартная мтДНК присуща именно европейскому типу, и мтДНК женщин с «европейскими корнями» отклоняются от нее всего на несколько позиций, или вообще не отклоняются. Фамилия этой кембриджской женщины осталась нераскрытой. А последовательность ее мтДНК в генетике называют «кембриджской стандартной последовательностью».

Здесь — важное отступление. Мужчины получают свои митохондрии от мамы, но своим сыновьям не передают. По-

этому митохондриальная ДНК на каждом мужчине терминируется. Нет девочек в роду — мтДНК терминировалась на мальчиках, связь этой линии с праматерью («митохондриальная Ева») потерялась. Нет мальчиков в роду — терминировалась Y-хромосома, потерялась генеалогическая связь с праотцом («хромосомный Адам»). Нет детей — полная терминация генеалогической информации от отца с матерью. Но каждый мужчина имеет мтДНК, и ее анализ дает такую же генеалогическую информацию, как и анализ мтДНК его матери или сестры. А, повторяю, наличие такой информации — генеалогический «прострел» к прародителям — десятки, а то и больше сотни тысяч лет назад, как к «Еве» (мтДНК), так и к «Адаму» (Y-хромосома), плюс информационное богатство всех мутаций на историческом пути.

Здесь надо опять повторить, что «митохондриальная Ева» — это вовсе не первая женщина, а ближайшая по времени прародительница всех женщин на Земле. Та, к которой сходятся генеалогические нити от всех живущих на планете. Ее мама — не ближайший прародитель, если у мамы была только одна дочь — «Ева». Так что у «Евы» еще один ограничительный признак — у нее должно было быть по меньшей мере две дочери. Чтобы от Евы и пошел тот генеалогический «разбег», в итоге породивший все человечество. Подруги Евы не стали прародителями человеческого рода, а также не стали те, кто жил вокруг или в отдалении тысячи и десятки тысяч, а то и сотни тысяч лет до «Евы». Их потомство не оставило генеалогических следов в живущих в настоящее время на Земле.

Естественно, я провел анализ также своей мтДНК. Точнее, провели для меня, но это дело не меняет. Результат был дан в первой части этого рассказа. Повторю:

16519С 263G, 309.1С, 315. 1С, 477С.

Поскольку мтДНК — кольцо, то неважно, откуда начинать считать. Договорились считать от середины выпирающей петли как наиболее заметного образования. А поскольку в «стандартной» мтДНК всего 16569 нуклеотидов, то моя мутация (точнее, моих бабушек) номер 16519С произошла недалеко от точки отсчета, на 50 нуклеотидов ниже начала. Там,

от номера 16001 и до 16569, находится область, относительно богатая мутациями. Ее называют областью низкого разрешения, или HVR1 (hypervariable region 1). Вторая, область высокого разрешения, HVR2, находится сразу за первой, от нуклеотида 1 до 580. Собственно, часто только там, в этих двух областях, и проводится генеалогический анализ митохондриальной ДНК.

Часто, впрочем, «высоким разрешением» в ДНК-генеалогии называют полное совпадение мутаций в обеих областях, HVR1 и HVR2, у двух человек. Тогда с высокой вероятностью оба имеют общую «бабушку» на протяжении последних примерно 1000 лет.

Итак, верхняя строка в «моих» мутациях относится к HVR1, нижняя — к HVR2. Более детально это означает — одна мутация с заменой тимина в позиции 16519 на цитозин, и четыре мутации в позициях 263 (аденин на гуанин), 309.1 (вставка лишнего цитозина), 315.1 (еще одна вставка цитозина), и 477 (замена тимина на цитозин).

Строго говоря, и мутациями-то эти изменения назвать нельзя. Это — просто отклонения от «стандартной», условно выбранной последовательности. То есть вполне может быть, что это не у меня мутация в виде замены тимина на цитозин в позиции 16519, а у той женщины, чья мтДНК принята за стандарт, древний цитозин в этой позиции мутировал на тимин. Все в мире относительно. Но для наших целей генеалогического анализа это не так важно.

В любом случае, мой мтДНК гаплотип, или система отклонений от «стандартной мтДНК», относится к гаплогруппе H, или Helena, одной из семи европейских гаплогрупп. Она появилась в Европе 20 тысяч лет назад, по некоторым оценкам. Но об этом чуть позже. А сейчас напомним, что такое гаплотипы и гаплогруппы, чтобы не путаться.

Гаплотип — это ваша индивидуальная генетическая характеристика. При рассмотрении мтДНК — это ваш набор отклонений от «кембриджской стандартной последовательности», например, в виде двух строк, что приведены выше (для HVR1 и HVR2, соответственно). А гаплогруппа — это генетическая характеристика определенной общности людей, которые имели одну общую «пра»бабушку, более недавнюю, чем «митохондриальная Ева». Их древние предки часто

передвигались в одной группе в ходе миграций. Гаплогруппа показывает, к какой генеалогической ветви человечества вы относитесь. Их обозначают буквами алфавита, от A до Z, плюс многочисленные подгруппы.

Например, европейские гаплогруппы — H, J, K, T, U, V, X. Ближневосточные — N и M. Азиатские — A, B, C, D, F, G, M, Y, Z. Африканские — L1, L2, L3 и M1. Полинезийская — B. Американские индейцы — A, B, C, D, и редко X. В последнее время к европейским гаплогруппам добавили N1, U4, U5 и W. Но надо помнить, что митохондриальные, женские гаплогруппы не имеют ничего общего с хромосомными, мужскими гаплогруппами. Индексы у них тоже разные.

Недавно провели анализ древнейших костей человека на Русской равнине, с датировкой 30—40 тыс. лет назад, и оказалось, что он имел гаплогруппу U2. И знаете, где этой гаплогруппы сейчас больше всего? Во Франции и в Индии, в этой последовательности.

Выше было упомянуто, что гаплогруппа H появилась 20 тыс. лет назад. И вот здесь надо сделать замечание. Если расчетный аппарат при работе с гаплотипами Y-хромосомы хорошо отлажен, то с мтДНК с этим значительно хуже. Вернемся опять к моей мтДНК:

16519C 263G, 309.1C, 315.1C, 477C

Мало того, что всего пять «точек опоры», по сравнению с 67, а то и 111 в мужских гаплотипах, так там и мутации происходят раз в три с лишним тысячи лет. Так что с генеалогическими расчетами не разбежишься. Еще одна особенность мтДНК — это то, что они весьма хаотично разбросаны по территориям, например, по всей Евразии. Дело в том, что по исторической традиции — где узаконенной, а где так сложилось — жен и наложниц умыкали где получится. Помимо того, если даже не умыкали, то жены обычно приходили (и сейчас приходят) в род, племя мужа, а не наоборот. Это и привело к фактическому рассеянию мтДНК по территориям, так что о направленных миграциях мтДНК, в отличие от Y-ДНК, говорить не приходится. Бывают, впрочем, случаи, когда мтДНК образуют свои «оазисы», но это случаи довольно редкие и экзотические, как правило, на изолированных

территориях, с затрудненными контактами с внешним миром на протяжении тысячелетий, например, среди некоторых племен американских индейцев. Тогда это очень интересно и информативно, но это скорее исключение, чем правило. И опять, с одной мутацией на несколько тысяч лет не до ДНК-генеалогии. Обычно при этом просто фиксируется территория, на которой такой «оазис» мтДНК найден. Этим занимается обычно наука популяционная генетика, не ДНК-генеалогия.

Вот несколько примеров, что такой анализ дает. Жена последнего русского царя Николая II, Алиса Гессен-Дармштадтская, внучка английской королевы Виктории, имела такой гаплотип:

16111T, 16357C, 16519C 263G, 315.1C, 524.1A, 524.2C.

У нее с королевой Викторией точно такие же мутации в зоне высокого разрешения, как и у моих бабушек. И гаплогруппа та же, Н, но это уже индексы митохондриальных родов, или гаплогрупп. Так что европейская общая бабушка у нас с ними одна. Кстати, принц Филипп, дюк Эдинбургский и муж ныне здравствующей королевы Елизаветы II, имеет точно такой же гаплотип, как и Алиса. Что не удивительно, они — племянники.

Поехали дальше. Как насчет Марии-Антуанетты? Королевы Франции, обезглавленной в 1793 году в возрасте 37 лет? Жены Людовика XVI? Вот ее гаплотип:

16519C 152C, 194T, 263G, 315.1C.

Ничего не напоминает? Ну как же, гаплотип моих бабушек по материнской линии:

16519C 263G, 309.1C, 315.1C, 477C.

Та же «входная» мутация в подгруппу гаплогруппы Н, тот же вариант петли мтДНК низкого разрешения, те же две мутации из четырех в области высокого разрешения. Даже мутация 315.1C та же, вставка лишнего цитозина в том же месте. Определенно общая бабушка у Марии-Антуанетты с

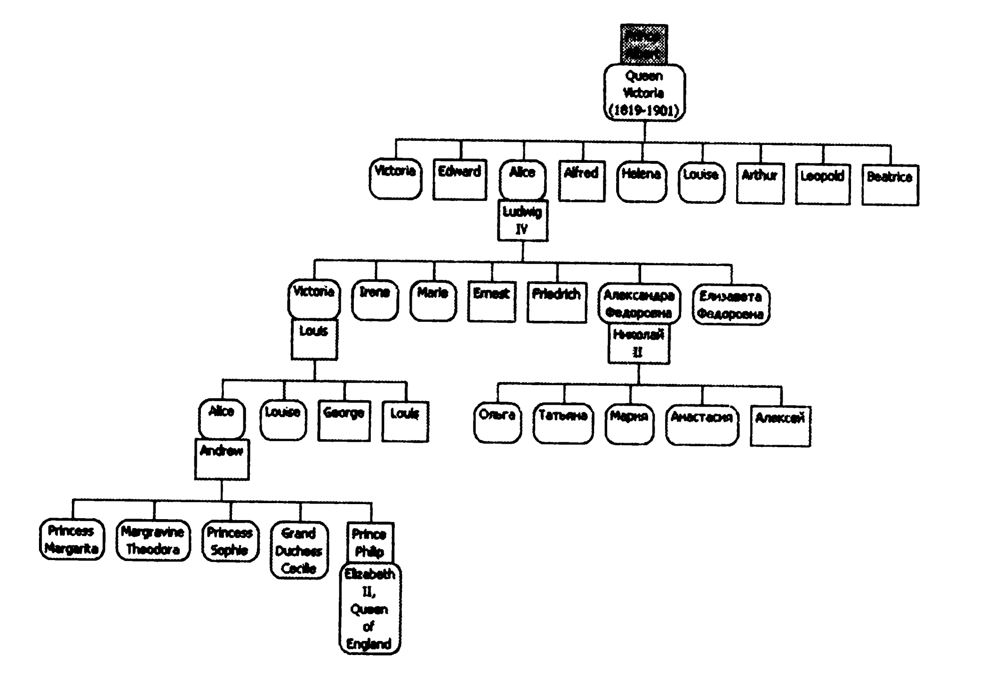
моими, причем уже в Европе, относительно недавно. А как недавно? Да, видимо, несколько тысяч лет назад. А «недавно» — потому что в мтДНК много родов, или гаплогрупп, и то, что мы с королевой Викторией или Марией-Антуанеттой входим в одну гаплогруппу, уже означает относительно близкое родство. Принципиальное, если угодно. Один род.

Раз уж мы погрузились в рассмотрение мтДНК, посмотрим на генеалогическое древо английской королевы Виктории, которое доходит до семьи Николая Романова, то есть дочерей Николая II и Александры, погибших с родителями в 1918-м, а также до принца Филиппа по параллельной линии. Как мы уже рассказывали, мтДНК передается в поколениях исключительно по женской линии. Потомству мтДНК передает только мать, из своей яйцеклетки (женской половой клетки). Мужчина мтДНК не передает. Не мужское это дело.

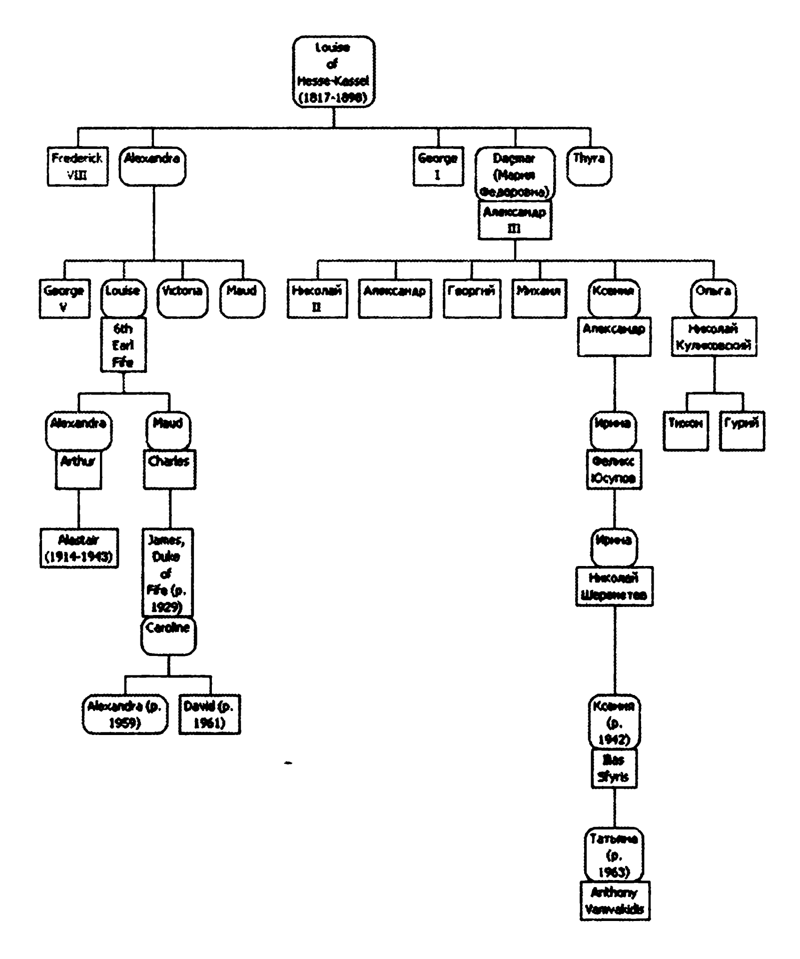
Вот как выглядит женская линия королевы Виктории до Александры Федоровны Романовой, она же Алиса (Аликс) Гессен-Дармштадтская, внучка английской королевы.

На этой схеме показано, как мтДНК переходит по светлым, женским линиям от королевы Виктории через ее дочь, великую княгиню Алис, и далее расходится по нескольким параллельным потокам, из которых здесь показаны два — до герцога Эдинбургского Филиппа, мужа нынешней королевы Великобритании Елизаветы II, и его четырех сестер, с одной стороны, и до Александры Федоровны Романовой и ее детей — княжон Ольги, Татьяны, Марии, Анастасии и царевича Алексея. Таким образом, все мужчины и женщины, показанные на этой генеалогической схеме (кроме супругов, пришедших «со стороны»), имеют одну и ту же мтДНК. Кстати, ее для тестирования и определения картины мутаций в мтДНК членов царской семьи во время расследования, чьи же останки найдены у Екатеринбурга, предоставили несколько членов монарших семей Европы, для схемы выше — принц Филипп.

Но по этой схеме Николай II выпадает из рассмотрения. Он — муж Александры Федоровны, пришел «со стороны». Поэтому посмотрим на другую схему, фрагмент генеалогического дерева ветви европейских монархов, идущей по женской линии от Луизы фон Гессен-Кассель, бабушки Николая Второго. Мать самой Луизы была Шарлотта Датская, бабушка — София Фредерика, супруга принца Датского и Норвежского.




Генеалогическое дерево (женская линия) от королевы Виктории (род. 1819 год) до ныне здравствующей английской королевы Елизаветы II и ее сестер, и до последней царской семьи России




**Генеалогическое дерево (женская линия) от Луизы фон Гессен-Кассель (1817 г.р.), бабушки русского царя Николая II, до ее современных потомков, включая потомков русского царя Александра III**

Эта ветвь, естественно, неполная, иначе в ней должны были быть отражены десятки, если не сотни человек. Суть в том, что здесь показаны две отдельные ветви, потомки которой предоставили свою мтДНК для идентификации мтДНК Николая II, и для сопоставления с ДНК других останков из

могилы при известном расследовании. ДНК для анализа предоставили три человека — (а) принц Филипп, муж ныне здравствующей английской королевы Елизаветы, (б) Ксения Николаевна, потомок родной сестры Николая Второго, Ксении Александровны, и английский герцог Джеймс Карнеги, потомок королевского рода по материнской линии.

Если мы проследим по женской линии, то есть по светлым фигуркам от королевы Виктории вниз по поколениям (первая генеалогическая схема выше), мы увидим, что принц Филипп должен иметь ту же мтДНК, что и дети Александры Федоровны, включая Анастасию и царевича Алексея. Как мы помним, мтДНК передается мужчинам в первом поколении, а затем на них обрывается. А вот у Николая Второго мтДНК будет уже другая, он в первой генеалогической схеме «со стороны», его мтДНК — по его матери и бабушек по материнской линии.

Зато согласно второй схеме, мтДНК Николая Второго будет та же, что у его бабушки Луизы по материнской линии, и та же ДНК будет и у его сестры Ксении, и у ее правнучки Ксении, что родилась в 1942 году, и у герцога Джеймса Карнеги, который родился в 1929 году и до сих пор здравствует.

И вот именно таким образом было показано, что останки, найденные в могилах, принадлежат именно царской семье. Там, правда, все время поднимаются новые вопросы, но для целей этого очерка они не так важны. В любом расследовании есть вопросы. Было бы желание.

### *мтДНК и генеалогические бабушки*

Итак, у меня, а на самом деле у моих мам и бабушек, гаплогруппа Н. Подгрупп гаплогруппы Н, насчитывают несколько десятков вариантов. На мой вариант сразу указывает «входная» мутация 16519С.

Естественно, я попытался найти, у кого такие же мутации в мтДНК, как у моих бабушек по прямой материнской линии. Оказалось, и уже давно, что «входную» мутацию 16519С имеют 5739 человек из базы данных, и их количество растет в базе день ото дня. Кстати, в первой версии этого рассказа, написанной несколько лет назад, эту «входную» мутацию в той же базе данных имели 2194 человек, и с тех пор в

среднем каждый день их количество нарастало на 5 человек. Так что «день ото дня» — это вовсе не преувеличение. Стало понятно, почему эта петля — «низкого разрешения». Введение в поиск четырех других мутаций из HVR2 резко сбросило число родственников — до 22 человек. Несколько лет назад их было семь.

По запросу генеалогических организаций, люди, входящие в базу данных, предоставляют сведения о своих родственниках. Это — если они хотят получить доступ к такой же информации от других. Многие предоставляют данные в виде целых генеалогических деревьев. Таким образом, можно взглянуть, а кто же те женщины, жившие сотни лет назад, у которых мтДНК полностью совпадает с моей, то есть с моими прямыми бабушками по материнской линии. А значит, с кем у меня есть прямая генеалогическая связь по материнской линии. С теми, у кого мтДНК имеет мутации 16519C, 263G, 309.1C, 315. 1C, 477C. Вот имена тех, кто предоставил сведения о своих предках:

Margaret Stayse-Dewey, родилась в 1549 году в Wyndmonham, Norfolk, East Anglia, England;

Elizabeth Bailey, родилась в Англии в 1782 году;

Teresa Farkas, родилась в Венгрии в 1850 году;

Elizabeth Bailey (уже другая), родилась в Честере, Южная Каролина, в 1775 году, году основания США;

Fredrika Heinemann, родилась в Нью-Йорке, США, в 1846 году;

Lucinda Pope, родилась в 1852 году, страна рождения неизвестна;

Margaret Criswell, 1810 года рождения, Оксфорд, Ирландия;

Szymanska, 1810 года рождения, Польша;

Angelique Tirad, родилась в 1793 году в США, штат Миссури.

Это только начало, там уже в списке 301 человек. А еще недавно были только 22 человека...

Когда у меня с ними была общая бабушка — оценить трудно. Мутации мтДНК — редкие. При полном совпадении мутаций в мтДНК общая бабушка могла жить от нескольких тысяч до десятков тысяч лет назад.

А что значит — мутации редкие? По оценкам генетиков, мутации в мтДНК происходят со скоростью 1/100000 на

нуклеотид на поколение. Как я приводил выше, генеалогический анализ проводят на 569 нуклеотидах области HVR1 и 580 нуклеотидах HVR2, всего на 1149 нуклеотидах. То есть одна мутация происходит там в среднем на 100 поколений, или на 2500 лет. Но было доказано, что в этих областях мутации происходят более часто, чем в нуклеотидах мтДНК в целом. Ну, например, одна мутация — примерно на тысячу лет. Я был бы рад привести более точные цифры, но среди специалистов данные сильно расходятся.

Принято считать, что при полном совпадении зоны «низкого разрешения» HVR1 с такой же зоной в мтДНК другого человека, имеется 50%-ная вероятность того, что их общая «бабушка» жила в течение последних 52 поколений, или 1300 лет. И то, если гаплогруппа одинаковая. Если же при этом гаплогруппы разные, то совпадение случайное, вызванное «конвергентной эволюцией», и общая «бабушка» может отстоять во времени на десятки тысяч лет. А при полном совпадении «высокого разрешения», на обеих зонах HVR1 и HVR2, есть 50%-ная вероятность того, что общая «бабушка» жила на протяжении 28 поколений, или 700 лет. Об этом я уже упоминал.

Теперь взглянем на мтДНК людей известных. Ну, например, Николая II Романова. Он получил свою мтДНК, естественно, от матери, Марии Софии Фредерики Дагмары (Марии Федоровны), а та, в свою очередь, от своей матери, королевы Дании Луизы Вильгельмины Фредерики Каролины Гессен-Кассельской:

16126C, 16169(C,T), 16294T, 16296T 73G, 263G, 315.1C.

Напомню мой гаплотип:

16519C 263G, 309.1C, 315. 1C, 477C.

Мы сильно расходимся с королевой Дании в области низкого разрешения, но имеем две одинаковые мутации в области высокого разрешения. В целом, родство весьма отдаленное. И действительно, у моих бабушек гаплогруппа H, у королевы Дании и Николая II — гаплогруппа T. Кстати, племянник Николая II по материнской линии, князь Николай Трубецкой, а также родной брат Николая II, великий князь Георгий Александрович Романов имели совершенно такой же

гаплотип, как и Николай II. Что вполне естественно, так и должно быть, поскольку линия — материнская.

Я не буду здесь пояснять, почему у второй мутации в области низкого разрешения у Николая II (и Трубецкого, и Георгия Романова) оказалось одновременно два нуклеотида (С, Т). Просто упомяну — «гетероплазмия».

Про жену Николая II, Алису Гессен-Дармштадтскую, я уже писал выше, как и про Марию-Антуанетту.

Чтобы у читателя не осталось впечатления, что все мтДНК имеют похожие мутации, приведу несколько других примеров знаменитых гаплотипов. Три из них относятся к останкам древних людей, найденных в мумифицированном виде, во льдах. Один — «Снежный человек», Отци, живший 5300 лет назад:

16224C, 16311C (гаплогруппа K1).

Этот конкретный гаплотип именно в таком виде был найден всего у одного ныне живущего человека из примерно 60 тыс. тестированных на мтДНК, по крайней мере, на сегодня. Его имя — Daniel Crain. Его наиболее удаленная прабабушка — Ann Wilmoth, родилась в 1866 году. Варианты этого гаплотипа имеются у пары сотен человек в базе данных, но в основном с включением, видимо, более поздней мутации 16519C («моей» мутации).

Другой «снежный человек» — Чеддармен, Чеддарский человек, живший 9000 лет назад:

16192T, 16270T (гаплогруппа U5a).

Третий, точнее, третья — «Хуанита», инка из Перу, жившая 500 лет назад:

16111T, 16223T, 16290T, 16319A (гаплогруппа A).

Наконец, Лука-евангелист, умерший в Греции в 150 г., в возрасте 84 года. То, что это именно Лука — интерпретация, соображение, но гаплотип настоящий:

16235G, 16291T (гаплогруппа H).

Поскольку гаплогруппа Н уже встречалась нам чаще всего, остановимся на ней более подробно. Хотя бы потому, что это гаплогруппа моих бабушек, и моя тоже.

Эта европейская гаплогруппа возникла при заселении Европы 20—40 тыс. лет тому. Вот как это было.

### *Заселение Европы*

Говоря генеалогически, были две основные волны прибытия древних «иммигрантов» в Европу. Первая — не менее 45—50 тыс. лет назад, когда прибыли первые поселенцы, но откуда — наука не знает, но предполагает, что или с востока, с Русской равнины, или с юга, со стороны Месопотамии. Некоторые говорят, что из Африки, но данных ни у кого нет. Они еще застали в Европе неандертальцев, по крайней мере, застали их первые переселенцы, которых относят к кроманьонской группе.

Неандертальцы с приходом наших предков быстро вымерли, отчего — неизвестно. Следов боев неандертальцев с нашими предками не обнаружено, похоже, этих боев просто не было.

Имеется много древних пещерных наскальных изображений охоты, но ни одного — сражений с неандертальцами. Детей неандертальцы не оставили, их генетическая линия полностью терминировалась.

Потомства неандертальцев с нашими предками тоже не было, судя по всему, хотя трудно себе представить, чтобы за тысячи лет совместной жизни (по крайней мере, территориально) наш предок не соблазнился бы неандертальской дамой. Или наоборот.

Скорее всего, дело было более серьезно, скажем, хромосомы наших предков были несовместимы с неандертальскими. Например, на наши 46 хромосом у тех было 44 или 48 (как, например, у шимпанзе), так что хромосомные пары не могли образоваться, и потомства просто быть не могло. Или могло, но своего потомства не давало. Типа как у мула, дитя любви лошади и осла, извините за сравнение. Так или иначе, неандертальцы — не наши предки.

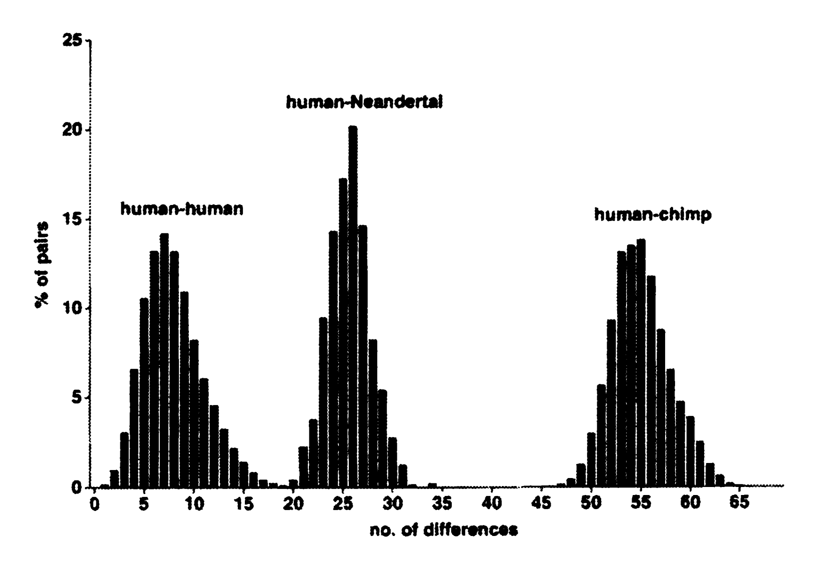



Иллюстрация различий в последовательности мтДНК между разными людьми (первая кривая — среднее различие в 8±3 нуклеотидов), людьми и неандертальцами (вторая кривая — среднее различие в 27±2 нуклеотидов), и, для сравнения, людей и шимпанзе (третья кривая — среднее различие в 55 нуклеотидов)

А вот и одно из доказательств, что не наши предки. Эта диаграмма позаимствована из научной статьи Крингса с соавторами, и показывает различия в последовательностях мтДНК между разными людьми (первая кривая — среднее различие в 8±3 нуклеотидов), людьми и неандертальцами (вторая кривая — среднее различие в 27±2 нуклеотидов), и, для сравнения, людей и шимпанзе (третья кривая — среднее различие в 55 нуклеотидов).

Генетический анализ другого неандертальца, найденного на расстоянии 2500 км от первого, показал сходные результаты. Ясно, что неандертальцы не имеют прямого генеалогического отношения к людям. Они — племянники, разошедшиеся с людьми примерно 600 тыс. лет тому. В Европе они жили, начиная с 250 тыс. лет назад, и исчезли — случайно или нет — после появления там людей, примерно 30 тыс. лет назад.

В последнее время чуть ли не потоком пошли научные статьи, противоречащие одна другой в отношении того, является ли неандерталец нашим предком. И, несмотря на то, что был расшифрован геном неандертальца, точнее, неандерталки, вопрос так и остался нерешенным. Здесь просматривается занятная корреляция. Чем более пресса «желтая», тем больше она педалирует, что неандертальцы — наши предки. Интересно, почему? В общем, ответ ясен — выше продажи издания. В одной академической статье было найдено, что в нас содержится от 1% до 4% генома неандертальца. При этом авторы не указали, что погрешность этого определения не менее плюс-минус 10%. Но отметили, что полученные цифра очень предварительные, и нуждаются в перепроверке. Но прессу уже было не остановить. Да и в «академической» прессе часто встречаются ссылки на эти цифры, правда, про то, как получены и про погрешности — ни слова. Как и то, почему раньше они предками не были (см. диаграмму выше), а потом вдруг стали. В науке положено подвергать анализу все варианты «за» и «против», но так то — в настоящей науке...

Да, обратно к «иммиграции» моих предков. Довольно легкое объяснение, больше журналистского характера, следующее. Первая волна в Европу (точнее, небольшие волны на протяжении 20 тыс. лет) оставила там шесть гаплогрупп. Носители первой, гаплогруппы U, дети воображаемой праматери «Урсулы», осели на территории будущей Греции 45 тыс. лет назад. Сейчас ее прямыми потомками являются примерно 11% современных европейцев, особенно в Англии и Скандинавии. Вторая, гаплогруппа X, праматерью которой была «Ксения» 25 тыс. лет назад, представлена 6% европейцев, но ее ветви протянулись в Центральную Азию и Сибирь, и из Сибири — в Северную и Южную Америки. Около 1% американских индейцев — прямые потомки Ксении. В Европе живут три ветви прямых потомков «Ксении» — в Восточной Европе, в Центральной Европе, и в Англии.

Третья гаплогруппа H, или Helen, Елена, появилась в Европе 20 тыс. лет назад на границе современных Франции и Испании. Ее прямыми потомками являются 47% европейцев, включая мою маму, а значит, и меня. Генетики пока не знают, чем вызван такой успех потомков Елены по «завоеванию Ев-

ропы» — то ли какими-то биологическими преимуществами, то ли просто так фишка легла. Будем считать, что второе.

Четвертая гаплогруппа V, прямые потомки «Велды», осели в Северной Испании 17 тыс. лет назад, и затем двинулись на север по следам уходящего ледника. 5% европейцев — прямые потомки «Велды», включая этническую группу саами в Финляндии и Северной Норвегии.

В то же время, 17 тыс. лет назад, на Средиземноморье, в Северной Италии обосновалась пятая гаплогруппа Т, праматери «Тары». Сегодня примерно 9% европейцев — прямые потомки «Тары», они расселились вдоль Средиземного моря, и продвинулись в Англию и Ирландию.

Шестая гаплогруппа К с праматерью «Катрин» прибыли в Европу 15 тыс. лет назад и обосновались на южных склонах итальянских Альп. Недавно найденный в Альпийских горах «снежный человек» Отци, погибший 5 тыс. лет назад — прямой потомок «Катрин». Примерно 6% европейцев сегодня — прямые потомки «Катрин», в основном живут в Средиземноморье.

Наконец, седьмая, она же последняя гаплогруппа J с праматерью «Жасмин», пришедшие в Европу «второй волной» с территории нынешней Сирии уже после завершения великого ледникового периода, составляет примерно 17% современной Европы, включая Испанию и Португалию, Уэльс и Шотландию и Центральную Европу. Эта волна прибыла в Европу относительно недавно, несколько тысяч лет тому назад, когда жители Ближнего Востока, озабоченные жесткой конкуренцией за земельные угодья, двинулись развивать сельское хозяйство в Европе, жители которой занимались в основном охотой. Они, эти новые переселенцы, слегка запутали генеалогическую картину Европы, но поскольку их в итоге стало несколько меньше одной пятой от уже порядком размножившихся коренных европейцев (точнее, европеек, говоря о мтДНК), то запутали не очень сильно.

* * *

Тема, безусловно, интересна. И понятно, почему — наша история, и тем более связь нашей личной истории с историей человечества не может не интересовать человека разум-

ного — Homo sapiens. Вспомните, когда вы впервые практически познакомились с системой компьютерного поиска, что вы немедленно выстучали на клавиатуре? Правильно, вашу фамилию.

Когда компания FamilyTreeDNA несколько лет назад прислала список моих маркеров Y-хромосомы и мтДНК и соответствующие гаплотипы, а также индексы гаплогрупп по мужской и материнской линии, для меня это была почти китайская грамота. И это несмотря на то, что мое образование не так далеко от этого. Что уж говорить о других! Дело в том, что совместное развитие генетики и генеалогии происходит так стремительно, что публикации и уровень знаний в этой области даже за 2000 год представляют собой «каменный век» этой науки. Число обнаруженных маркеров в Y-хромосоме за последние два года выросло с 53 до многих сотен. Как я уже писал выше, последние два года число мтДНК в основной базе данных прибавляется по пять в день.

Еще совсем недавно было достаточно знать свой гаплотип (число повторов каждого маркера) всего для шести маркеров, чтобы считать эту информацию вполне исчерпывающей. Когда мне предложили сделать анализ на выбор по 12, 25 или 37 маркерам Y-хромосомы, я выбрал средний вариант, и, видимо, не ошибся. Потому что потом нашел полное совпадение своего гаплотипа с несколькими людьми в базе данных по 12 маркерам, но ни одного полного — по 25 маркерам (на самом деле был один, но с двумя генеалогическими шагами в сторону). Иначе говоря, 12 маркеров было еще недостаточно, но 25 маркеров — в самый раз. 37 маркеров ничего бы нового тогда не дали. Потом у меня определен 67-маркерный, а затем и 111-маркерный гаплотип, хотя самый ближний ко мне «родственник» так и остался на уровне 25-маркерного гаплотипа с двумя мутациями.

Но с тех пор, несколько лет назад, я осознал, что самое увлекательное дело ДНК-генеалогии — это далеко не только поиски родственников. На самом деле 25-, 37-, 67-, и 111-маркерные гаплотипы позволяют построить «дерево гаплотипов» для широкого круга людей одного с нами рода, в моем случае — рода R1a, праславянского рода, и изучать историю рода по гаплотипам. Об этом — подробные рассказы в этой книге.

Для меня представило большое удовольствие распутать клубок, предоставленный мне ДНК-генеалогической компанией, и проследить исторический путь моих предков из Европы в Южную Сибирь и обратно в Европу. Если честно, то распутывая этот клубок, я переживал за них, они вдруг увиделись мне совершенно реальными, живыми людьми, со своими судьбами. Совершенно невероятно, как они, передвигаясь небольшими группами, сумели сохранить и пронести через десятки тысяч лет свой (наш!) семейный гаплотип, который записан в каждой из моих клеток. Работая над этим материалом, я вдруг ощутил причастность к нашей многотысячелетней семейной истории, причастность совершенно другого порядка, чем ощущал до сих пор.

Я совершенно ясно увидел, как моя древняя семья, мой семейный клан в количестве всего нескольких десятков человек — а тогда людей во всем мире было не более нескольких тысяч (не считая тех, кто уже давно жили в Африке, не будучи нашими предками) — отчаянно спорили, оставаться ли им на Равнине, или уходить навстречу солнцу. Они с болью разделились — одни остались, а другие ушли. И выжили в итоге те, кто ушли. Потом был другой переломный момент, в Алтайском регионе, когда клан опять разделился. И те, кто ушли, достигли — в своих потомках — Европы, а затем и территории будущей России. Те, кто остались — стали монголоидами, что само по себе и неплохо, но почти все погибли примерно 850 лет назад, и сейчас там — уже новые монголоидные поколения R1a. Прошли «бутылочное горлышко» популяции, и сколько таких горлышек было у наших предков... Мы — потомки тех, кто чудом выжил бесчисленное число раз. Можно только представить, как много семей не выжило, и следов их сейчас нет. Нет, наверное, представить все-таки невозможно.

История воистину записана в наших ДНК. И то, о чем я здесь рассказываю, дает возможность ее ощутить по-новому, в буквальном смысле.

Желанием поделиться, желанием пригласить других испытать те же чувства и продиктован этот рассказ.

Должен сказать, что историю заселения Европы потомками семи женщин, праматерей основных европейских гаплогрупп, я позаимствовал из книги Брайана Сайкса «Семь

дочерей Евы» (W.W.Norton & Company, New York, London, 2001), хотя пересказов этой истории имеется предостаточно в генетической литературе. Все остальное в таком виде читатель нигде не найдет. Я бы хотел найти, и это сэкономило бы мне массу времени при интерпретации моих гаплотипов, но найти не смог. Более того, в ходе поисков понял, что и не найду. Потому и написал.

Анализ моей ДНК делала американская компания Family Tree DNA, (http://www.familytreedna.com/), цены можно узнать здесь — (http://www.familytreedna.com/products.aspx). Подобные анализ делают многие компании в Европе, но я бы рекомендовал Family Tree. Они по запросу направляют вам маленькую щеточку типа зубной, ей надо поскрести примерно минуту за щекой, вложить в пластиковый футлярчик, вложить в прилагаемый конверт и бросить в почтовый ящик. Компания вам ответит.

А потом — интересное путешествие во времени.

Успеха.

# Глава 13

# ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ ПРОТИВ НОРМАННСКОЙ ТЕОРИИ

*По поводу откликов на фильм М.Н. Задорнова «Рюрик. Потерянная быль». Пояснения, размышления, наука*

## *1. ПОЯСНЕНИЯ И РАЗМЫШЛЕНИЯ*

Судя по откликам в сети, фильм вызвал бурную реакцию зрителей. Да и не зрителей тоже. Нередко встречались «отклики» типа: «Чушь какая-то. Не смотрел и смотреть не буду». Здесь комментарии просто излишни.

Хотя, впрочем, не излишни. Фильм как лакмусовая бумажка выявил типажи российского общества, во всяком случае те, которые высказались и продолжают высказываться в сети. Немалая часть — комментарии позитивные, благодарные, похвальные. Собственно, для этих людей фильм и делался. По ним, этим комментариям, уже видно, что фильм имел успех. Да и как он мог не иметь успеха? Хорошая работа, профессиональная съемка, грамотная работа режиссера, монтажеров, звукотехников. Оптимистический, доброжелательный, позитивный фильм, патриотический, образовательный. Казалось бы, чего еще надо?

Ан нет, есть и вторая категория зрителей (в которой есть немало и незрителей), которые просто захлебываются злобой, негативным отношением к фильму, автору фильма, участникам, да и вообще ко всему. Ничего конструктивного они не предлагают, да и предложить не могут. Они, так сказать, сидят на заборе, и оттуда плюются. Для этих «критиков» характерно агрессивное невежество. Они упоминают историю, в которой совершенно очевидно ничего не смыслят; ДНК-генеалогию, в которой об их «знаниях» вообще говорить неуместно, несут полную ахинею, и при этом, как водится, об-

виняют создателей и участников фильма в невежестве. Аргументация при этом совершенно ущербная. Некоторые примеры — ниже.

Для меня, человека, который изрядную часть жизни провел в профессиональных научных дискуссиях, совершенно очевидна несуразица: эти негативисты не выносят чужого мнения, но свое мнение считают достойным выноса на публику. Вот такой дисбаланс. Они обвиняют автора фильма в том, что он имеет свое мнение, но то, что их собственное мнение — чудовищно невежественное, их не смущает. Я, опять же, приведу некоторые характерные примеры ниже.

Наконец, есть третья категория «критиков-негативистов», которые либо считаются (или считают сами себя) научными работниками, либо прикидываются ими. Они глубокомысленно изрекают либо откровенно неверные, либо спорные положения, у которых, как правило, всегда есть альтернативные варианты, которые изрекатели не рассматривают, что уже выдает их «научный уровень». Они агрессивны, безапелляционны, часто используют блатной или полублатной язык, видимо, для придания убедительности (на самом деле — для маскировки комплекса неполноценности), и тоже не понимают простой вещи — что мнение создателя фильма и комментаторов в нем они не принимают, но свое, часто ограниченное мнение, считают за истину в последней инстанции.

Меня позабавил некий политик и дипломат, как он представился, набросав целую гирлянду своих должностей в околоправительственных кругах, в том числе «зам. директора по науке в Институте стран СНГ». Зовут его А. Севастьянов. Он написал: «*Тезис об особой древности наших предков по сравнению с англосаксами не выдерживает никакой критики, поскольку предок у нас с ними общий: кроманьонец*». И это не случайная оговорка, поскольку тут же рядом: «*Все народы белой расы — прямые потомки кроманьонца. Чей братский род старше, если общий предок один? Это логически неверная постановка вопроса*».

Вот в чем драма. Человек не имеет понятия, о чем пишет, но берется публично высказывать мнение о работах других. Более того, и не хочет подумать, что понятие «древность предков» может употребляться в разных контекстах, в зависимости от обсуждаемого вопроса. Это вовсе не происхож-

дение от обезьяны, или от кроманьонца (последнее, впрочем, неверно, см. ниже). Вместо того, чтобы хотя бы захотеть понять, в каком контексте было исходное высказывание, Севастьянов и иже с ними сами создают свой контекст, и от него начинают танцевать. И ладно бы только танцевали — но ведь лезут с критикой!

А без контекста не обойтись. В телепередаче приходится говорить образами, потому что времени для полного, или даже беглого обоснования своей точки зрения нет и быть не может. У меня, например, телеинтервью продолжалось больше часа, а в эфир пошло меньше минуты. Ясно, что за такое время никакого обоснования не дать. Поэтому приходится говорить рублеными фразами, например, что многие европейские народы по отношению к нашим предкам «вторичны». Оборот не самый удачный, и доносит только эмоциональность высказывания. Для его расшифровки надо уже читать научные, или хотя бы научно-популярные статьи.

И вот о чем эти статьи говорят, приводя исходные данные по ДНК и проводя читателя по методологии исследования, картине мутаций в ДНК, и что эта картина означает. А означает она то, что основной род восточных славян, R1a (куда входят не только восточные славяне, но последних там большинство), прибыл из Южной Сибири, куда его предки попали кружным путем миграций десятки тысяч лет назад, в Европу примерно 9 тыс. лет назад. Другой род, основной род западноевропейцев, R1b, прибыл в Европу после длительной миграции оттуда же, из Центральной Азии, около 5 тыс. лет назад, и там, в Европе, и остался. Род же R1a передвинулся на Русскую равнину около 5 тыс. лет назад (возможно, под давлением рода R1b, заселяющего Европу, и, возможно, под давлением отнюдь не мирным), и как арии, ставшие в исторической и художественной литературе легендарными, отправился и в Индию, и в Иран, и на Ближний Восток, и в Зауралье, вплоть до Китая.

Древняя история рода R1a, рода ариев, исключительно разнообразна. Если род R1b так и оставался в течении последних 4500 лет в пределах Европы, то род R1a разошелся по всей Евразии, и в итоге в своей части привел к появлению на Русской равнине славян. В этом смысле род R1a — праславянский, хотя потомки его сейчас живут от Британских ост-

ровов до Аравийского полуострова, до Ирана, Индии, Китая. Но все, как упомянем ниже, пришли с Русской равнины, начав арийские миграции оттуда примерно 4500 лет назад. И все имеют полное право считать себя потомками арийского рода R1a. В этом отношении — по древности в Европе и по распространению в Древнем мире — многие европейские народы по отношению к нашим предкам «вторичны», то есть пришли в Европу позже, сформировались позже. В этом нет ничего плохого или хорошего, это просто исторический факт. Подобный контекст вызван тем, что «официальные историки» помещают наших предков только в VI—VII вв. н.э., поэтому приходится показывать, что это не так, переходя к соответствующим упрощенным оборотам речи. Это надо понимать, а не искать там некие козни о «превосходстве», тут же злонамеренно переходя к «нацизму». Никто здесь не говорит о «превосходстве» праславян или славян по отношению к другим народам, это — умышленное передергивание.

«Официальная наука», помещая наших предков в VI—VII вв. н.э., не договаривает, что «славяне» — это только лингвистическое понятие, и относится к языкам славянской группы. В отношении культуры, пантеона богов, сложившейся мифологии, наследственности, наконец — история славян насчитывает многие тысячелетия. Эта сторона славянства совершенно явственно перекликается с культурными признаками, обычаями, обрядами, религиозными понятиями и символами по всей Евразии — от древних ирландцев до потомков древних обитателей Иранского плато, Индостана, Китая. Любой толковый историк и лингвист это знают, но на публике продолжают уныло долдонить, что «славяне появились только во второй половине 1 тыс. н.э.». Заметьте, не язык сформировался, а «славяне появились». То есть как люди, как популяция. Так у историков-лингвистов принято, иначе окрикнут, сделают внушение. Оно им это надо? И вот появилась ДНК-генеалогия, и сразу расставила эти понятия в перспективе наследственных признаков, родов, гаплогрупп, то есть практически необратимых меток в ДНК.

Стало ясно, что помимо языковых отнесений, наименее устойчивых, а также культурных, религиозных отнесений, есть еще родовые отнесения, наследственные. Эти — самые стабильные, их признаки держатся в ДНК десятки, сот-

ни тысяч лет, более того — миллионы лет. И современные шимпанзе, и современные люди имеют тысячи этих общих, идентичных признаков в ДНК, помимо других, последующих признаков, которые набежали в ДНК путем мутаций, уже после расхождения наследственных линий шимпанзе и человека. Часть этих признаков на пути к современному человеку застряли — опять необратимо — в ДНК неандертальцев, часть — в ДНК архаической линии чернокожих африканцев, которые не имеют — по Y-хромосоме ДНК — практически никакого к нам отношения. Часть этих признаков застряли в ДНК более недавних африканцев, и параллельно — от общего предка с шимпанзе — перешли и к нам. И вот эти-то метки генетики, не разобравшись, приняли якобы как признак того, что мы — потомки чернокожих африканцев. Да не потомки их мы — как два зуба у кухонной вилки не потомки друг друга. Они — параллельны, а «предок» их — ручка у вилки. Вот так и мы с африканцами — наши предки разошлись примерно 160 тыс. лет назад, и те мутации в ДНК, которые мы получили от приматов — общие с африканцами, все же остальные мутации — различные. ДНК-генеалогия это убедительно показала. Хотя генетики и там продолжают уныло долдонить: «Мы произошли от африканцев».

Как ни удивительно, подавляющему большинству историков вообще не свойственен широкий взгляд на вещи, осмысление альтернативных объяснений обнаруженным, полученным фактам, наблюдениям. Это касается не только историков, лингвистов, генетиков, это относится вообще к большинству «ученых», которые привыкли, приучены «ходить в ногу». В самом деле, зарплату платят (если, конечно, это называть зарплатой), финансовые гранты дают (если это можно называть деньгами), тепло и сыро (об этом у большинства «ученых» свои представления, которые вообще понять трудно). Вот и появляются «теории» о происхождении современного человека из Африки, или что славяне появились только в середине 1 тыс. нашей эры. По-своему они рассуждают правильно, например, советские люди появились только в 1922 году, если кто вспомнит, откуда эта дата. Впрочем, советы рабочих и крестьянских депутатов появились и раньше. Но нельзя же рассуждать о появлении людей на Русской равнине, отталкиваясь от даты 1922 год, или 1917 год.

Вот такая цена понятию «славян раньше не было». Как рассуждал хрестоматийный Вовочка — как это так — славяне есть, а слова нет. Примерно так.

Что касается древности рода — это давно устоявшееся понятие. Древность рода — это многоплановое понятие, и измеряется не только временем существования рода. Было бы глупо обратиться к дворянам прошлого, которые спорили о том, чей род древнее, с пассажем, что все рода, знаете ли, произошли от кроманьонца, поэтому постановка вопроса некорректна. Древность рода — это деяния рода, его история, и чем больше известных деяний, тем известная история рода древнее. Перевод этого вопроса в то, что все произошли от обезьяны — банальное начетничество.

Теперь о кроманьонце. Слова А. Севастьянова (см. выше) «*тезис об особой древности наших предков по сравнению с англосаксами не выдерживает никакой критики, поскольку предок у нас с ними общий: кроманьонец*» показывают, что материалом он не владеет. Кроманьонец был представителем всего одного рода, какого — пока точно не известно, но, видимо, рода I. Потомки этого рода и сейчас живут в Европе, причем в немалом количестве — примерно 20% от всех европейцев. Примерно 60% европейского мужского населения относятся к совершенно другому роду — R1b. Примерно 50% этнических русских относятся к роду R1a, а на юге России — до 63% (в Курской, Орловской, Белгородской областях). Это — совершенно разные рода, каждый со своей древней историей, и от кроманьонца они не произошли. Это, если угодно — «параллельные рода», с общим предком примерно 60 тысяч лет назад. Кроманьонец жил в Европе примерно 45—40 тыс. лет назад, а рода R1a и R1b прибыли в Европу примерно 9000 и 4800—4500 лет назад, соответственно.

Поэтому когда речь идет о древности рода, то опять же в том контексте надо понимать, что древность имеется в виду — в Европе, в Евразии, и связывать опять же с известными деяниями рода.

Еще пассаж Севастьянова: «*Митохондриальная ДНК славян... насчитывает примерно 30 тыс. лет. Откуда взялась цифра 5—9 (да еще с таким гигантским, несуразным разбросом в 2 раза), сие мне неведомо и непонятно, вызывает большое сомнение. Как может быть такой разброс дати-*

*ровки?»* Здесь — груда несуразиц. Начнем с того, что нет и не может быть «митохондриальной ДНК славян», как не может быть и Y-хромосомы славян. Обратите внимание, как я написал выше — «основной род восточных славян, R1a». Это — корректный оборот. Среди восточных славян (мужчин) гаплогруппа R1a доминирует — по регионам достигает 63% (по данным тестирования), и в ряде русских городков, селений определенно достигает и 80%, а то и 90%. Но это не так важно, каких процентов она достигает, а важно, что доминирует, и на то есть определенные исторические причины. Не было ДНК-генеалогии — вопрос об этих причинах и не ставился, поскольку не был известен сам факт. Это все новые постановки вопроса, в рамках новой науки.

Но написать «мтДНК славян» — это вообще неверно. У славян доминирует митохондриальная гаплогруппа Н, ее примерно 40% от населения, как мужского, так и женского (потому что и мужчины ее от матерей получают, но дальше не передают). Но те же 40% гаплогруппы Н — и по всей Европе, в том числе и у финнов. Она действительно по происхождению насчитывает — по современным данным — где-то от 20 до 30 тыс. лет, но эти данные настолько грубо определены, что там может оказаться и другая величина, за пределами этого диапазона. Так что никакого отношения к обсуждаемому вопросу эта информация не имеет.

Что же до цифры 5 и 9 тыс. лет — то это вовсе не разброс, как миру поведал Севастьянов, это датировки разных событий (см. выше): 9 тыс. лет назад — прибытие праславянских (и многих других) предков — гаплогруппы R1a — в Европу, а 5 тыс. лет назад — передвижение этого рода на восток, на Русскую равнину. В Европе этого рода, R1a, практически не осталось, и последующее возвращение носителей R1a в Европу происходило уже на протяжении 1 тыс. до н.э. и вплоть до середины 1 тыс. нашей эры, то есть 3000—1500 лет назад. В этом отношении заселение (или, точнее, перезаселение) Европы носителями гаплогруппы R1a происходило именно с Русской равнины. Те, кто по верхам нахватались обрывков из Википедии, и восклицают про R1a в Испании, Франции, Скандинавии, на Британских островах, что какие же это «наши», это другие R1a, не понимают простой вещи — это практически все потомки R1a с Русской равнины (кроме

потомков особенно древних R1a, которых в Европе — доли процента). Я не могу (и не хочу) им говорить — да вы хоть на гаплотипы посмотрите, это же сплошная Русская равнина 2—3 тыс. лет назад, праславяне и славяне по происхождению. Не могу и не хочу — потому что они не имеют понятия, что такое гаплотипы и как на них смотреть. И что в них можно увидеть. Небольшая иллюстрация этого — во второй части настоящего очерка.

Известно и описано более 30 ветвей гаплогруппы R1a в Европе, и за исключением нескольких самых древних, включая ту, которая в Европу прибыла из Центральной Азии (Южная Сибирь — это часть Центральной Азии, для справки), все они прибыли со стороны Русской равнины, прожив там 2000—3500 лет. Именно потому вместо оборота «европейские R1a» вполне допустимо в легкой беседе, в том числе и в телепередаче, и в популярной литературе назвать их «праславянами». Англичане, например, переехав в своей части в Америку, тоже имеют своих предков в Англии. Те предки — «пра-американцы», хотя такого выражения в научном обороте нет. Потому что «пра-американцы» — это и сибиряки, имеющие гаплогруппы и гаплотипы современных американских индейцев, хотя гаплотипы уже значительно мутированные.

Приходится еще раз повторить, что всех этих подробностей, а они на самом деле все разветвленные, переходя как в глубь истории, так и ближе к нашим временам, в короткой передаче не объяснить, да и не надо. Подробности — в научной литературе, там их тысячи страниц текста. Но люди, которого этого не понимают, обожают выхватывать фразы из популярного произведения или из телевизионной передачи, из фильма, и устраивать по этому поводу истерику. Для этого вполне достаточно иметь «негативное устройство мозга».

Объективности ради надо сказать, что А. Севастьянов, после дачи нескольких «петухов» вкупе с развесистой клюквой, в итоге пришел к здравому выводу, но не без бюрократического выверта: «*Общее впечатление очень хорошее, молодец Задорнов. Хотя, конечно, есть что исправить и дополнить, как всегда... Но в целом линию выдержал, фильм стоит рекомендовать по всем нашим каналам*». Бюрократы обожают делать замечания про необходимость «исправить и дополнить». Не нужно ничего исправлять и допол-

нять, это — авторское произведение. Если автор сочтет нужным — он создаст следующее произведение.

Не раз я встречал при обсуждении фильма пассаж, что у меня нет научных статей, и потому мое мнение не считается. Не имею понятия, откуда эта дезинформация появилась. Я уже не говорю о нескольких сотнях моих статей в академических журналах и дюжине книг по моим основным профессиям (часть из них — на Амазоне (http://www.amazon.com/s/ref=nb_sb_noss?url=search-alias%3Daps&field-keywords=Klyosov, плюс многие на русском языке), которые включают и анализ динамики мутаций в ДНК, что является важной частью ДНК-генеалогии, новой науки, имеющей прямое отношение к тематике фильма. Моя специальность по образованию (химический факультет МГУ, кафедра Н.Н. Семенова, одного из немногих русских лауреатов Нобелевской премии) — это кинетика химических и биологических реакций. Иначе говоря — наука о скоростях этих реакций. Я написал несколько учебников для высшей школы по этому предмету. Именно это позволило мне стать одним из создателей ДНК-генеалогии, науки, которая в своей основе рассматривает скорости мутаций в ДНК, и на этом основании определяет времена древних миграций, времена жизни предков групп людей (например, Рюриковичей, о чем речь пойдет во второй части этой статьи), времена исторических событий древности, и многое другое, имеющее прямое отношение к эволюции человека, заселению им нашей планеты по регионам, а также археологии, лингвистике, и генеалогическим линиям ныне живущих людей (и не только ныне живущих). Научные статьи по этим вопросам у меня довольно часто появляются в академической печати на английском и русском языках (например, постановочная статья по ДНК-генеалогии в старейшем российском академическом журнале «Биохимия», статьи в журналах Human Genetics, Advances in Anthropology, Journal of Genetic Genealogy и других). Достаточно посмотреть на статью в Википедии (http://ru.wikipedia.org/wiki/%CA%EB%B8%F1%EE%E2,_%C0%ED%E0%F2%EE%EB%E8%E9_%C0%EB%E5%EA%F1%E5%E2%E8%F7) чтобы увидеть запись «член редакционной коллегии журнала «Успехи антропологии» (Advances in Anthropology, http://www.scirp.org/journal/aa/) и при желании просмотреть состав редколлегии журнала.

Не избежал этой клюквы — к моему удивлению — и историк Л.С. Клейн. Клейн тоже объявил в сети, что я «считаю себя специалистом по ДНК-генеалогии», но на меня не ссылаются. Я еще понимаю, когда это говорят те, кто вообще не очень понимают, что такое «ссылаются», но уж Клейн мог бы взять индекс цитируемости и посмотреть сам ссылки на мою фамилию. Среди нескольких тысяч ссылок на мои работы больше сотни ссылок — на статьи по ДНК-генеалогии, из них две статьи — среди наиболее цитируемых, входящих в основной список Хирша (H-Index), если это Клейну о чем-то говорит. Одна — в одном из самых ведущих академических журналов мира по генетике (Human Genetics). Не так плохо, учитывая, что по ДНК-генеалогии я начал публиковаться в международных журналах только с конца 2009 года, а для цитирований другими изданиями нужно время. Стоило бы Л. Клейну на это взглянуть, чтобы хотя бы не позориться. Он там что-то еще ввернул про «палеогенетику», которая в данном вопросе про Рюрика вообще ни при чем. Видимо, образованность свою хотел показать.

Это я к тому, что эти «негативисты» не гнушаются банальной ложью, поскольку других аргументов у них нет.

Возвращаемся к разъяснениям того, чему не нашлось места в фильме, и понятно, почему не нашлось: этот материал многократно изложен в научных публикациях и популярных пересказах. Например, многих «негативистов» нервирует тот факт, что гаплогруппа R1a есть не только у восточных славян, но и у таджиков, башкир, узбеков, татар, у кавказцев, и так далее. Они по причине своего «устройства мозга» тут же начинают издеваться и над ДНК-генеалогией, и над русскими, и над таджиками и прочими. А ведь все это опять же многократно описано, изучено, объяснено. В подавляющем большинстве случаев это та же арийская Y-хромосома. Если коротко, то перейдя из Европы на Русскую равнину примерно 5000 лет назад, носители гаплогруппы R1a, которых вполне уместно и исторически правильно назвать ариями, примерно 4500 лет назад разделились на несколько миграционных потоков (или военных экспедиций), и разошлись по нескольким основным направлениям — на юг, через Кавказ и Месопотамию, на Ближний Восток; на юго-восток — в Среднюю Азию и далее (примерно через 500 лет) — на Иранское плато; еще

восточнее — на Южный Урал и далее в Индию; в Зауралье и далее, вплоть до Енисея, Алтая, Китая, Монголии.

На этом пути, передвигаясь по огромным территориям, арии оставляли после себя то, что сейчас называют археологическими культурами — андроновскую, синташтинскую, карасукскую, тагарскую, таштыкскую и так далее. И оставляли после себя не только культуры, но людей, своих потомков, которые по разным причинам оседали, давали потомство, и многие ДНК-линии потомков ариев и сейчас живут на всех перечисленных территориях. Енисейские киргизы линии R1a передвинулись (в своей части) на территории современной Киргизии, таджики испокон веков жили на своих землях, и многие стали потомками ариев и чтут свое происхождение. Не так давно таджики праздновали Год арийской цивилизации, и их президент выступил с обширным и толковым историческим докладом, в котором, конечно, были многие пробелы, но важна направленность доклада, гордость своими предками, что свойственно достойным этносам.

Вот откуда в Средней Азии и Сибири появились R1a. В значительной степени — благодаря миграциям ариев в диапазоне 4000—3000 лет назад, но не только. Часть сибирских, китайских, монгольских R1a — произошли от древнейших предков, автохтонных, живших там еще 20 тыс. лет назад. У них значительно более мутированные гаплотипы гаплогруппы R1a, отражающие древнейшую историю рода.

Кстати, о мутациях. В дискуссиях по фильму нередко приходится встречать совершенно неквалифицированные «мнения», что расчеты по мутациям в ДНК-генеалогии неверны, потому что мутации происходят от климатических факторов, от радиации, которая разная в разных местах, от стиля питания и т.д. Меня подобные высказывания умиляют. Неужели авторы их настолько недалекие люди, что серьезно полагают, что они вот так, с разбегу, высказали идею, которая не приходит в голову сотням профессионалов в мире, которые работают по мутациям в ДНК? Да читали ли эти люди «письмо к ученому соседу» А.П. Чехова, а если читали, то хоть немного задумывались? Есть ли у них хотя бы один пример такого влияния на мутации, при котором копирующий фермент ДНК-полимераза под влиянием разрушающей радиационной мутации вдруг скопировал длинную последо-

вательность нуклеотидов в ДНК не 23 раза, а, скажем, 24? Или 22? Понимают ли эти люди, о каких мутациях они рассуждают? Понимают ли они, что мутации в гаплотипах — это не разрушения ДНК, это изменение длинной и «филигранной» нуклеотидной последовательности в негенной части Y-хромосомы ДНК (а генов в Y-хромосоме почти нет, по сравнению с другими хромосомами). Отдают ли они себе отчет, что под влиянием радиации выше пороговой, для того, чтобы произошла мутация в нуклеотидах, намного раньше произошло бы повреждение генов в других хромосомах, и обладатель такой поврежденной ДНК просто бы не выжил в большинстве случаев?

Все на свете бывает, пусть хоть раз в миллионы или миллиарды лет, но где хоть какие-то свидетельства? И авторы таких совершенно неквалифицированных «воззрений» не только не имеют понятия, о чем говорят, но и имеют наглость (которая обычно безграмотна) публично утверждать, что они умнее специалистов, и им якобы приходят в голову истины, которые специалистам не приходят. Да все это изучено-переизучено, давно показано, что скорости мутации в гаплотипах одинаковы в самых разных концах света. Если вдруг мутация в генах (под действием радиации) произошла, то потомства от такого везунчика и ожидать нечего, поэтому и гаплотипов потомков не будет, как и самих потомков. Я еще понимаю смиренно заданный вопрос: «А изучали влияние радиации на мутации в ДНК»? Ответ: да, милочка, конечно, этому вопросу посвящены целые специализированные журналы. Проверены десятки тысяч случаев мутаций в гаплотипах, в том числе тысячи вариантов на парах отец-сын, и все они неупорядоченные, «среднестатистические», никакие внешние факторы, изменяющие скорости мутаций, не выявлены, кроме, пожалуй, возраста отца, когда отец относительно пожилой. Тогда мутации чуть быстрее, но, как правило, в пределах погрешностей, или такие небольшие отклонения (на единицы или доли процентов) «тонут» в сотнях и тысячах «нормальных» мутаций в расчетах.

Так что успокойтесь, дорогие неквалифицированные читатели, вы не предложите ничего, что сами смогли бы проверить, или что уже проверили специалисты. Для вашего утешения скажу только, что и М.Н. Задорнов не предложил в своем фильме ничего, что не было бы уже рассмотрено спе-

циалистами, но по разным причинам, и в первую очередь политическим, карьерным, бюрократическим историки выбирают то, что им (скорее, начальству от науки) в данном случае больше подходит. Вот об этом и речь в фильме М.Н. Задорнова. Цель фильма — вовсе не научная, а образовательная. Даже профессор на лекции студентами или аспирантам в университете никогда не рассказывает того, что науке было бы неизвестно, поскольку у профессора другие задачи, образовательные. А вы, милые, требуете от М. Задорнова непременно новизны в науке, иначе включается ненависть, агрессия. М. Задорнов рассказывает то, что хотел бы донести до зрителя, до слушателя, что уже очень немало. Попробуйте сами, да еще соберите многомиллионную аудиторию. Нет, не беретесь? Ну так чего же тогда? Все эти Соколовы, Клейны, Жуковы, Подгайные и им подпевающие в сети не только безграмотны в вопросах, по которым имеют наглость агрессивно набрасываться на создателя фильма, но сами ничего и близко не создали (исключение — Л.С. Клейн, известный археолог). А уж когда они берутся рассуждать о ДНК-генеалогии — тут уж хоть святых выноси (а это уже — включая Л.С. Клейна).

Переходим к ариям, носителям гаплогруппы R1a. Почему-то слово «арии» вызывает классическую патологию у многих людей, известную под названием «идиосинкразия». Напомню, что идиосинкразия — это болезненная реакция, возникающая в ответ на определенные неспецифические раздражители. Это нечто сродни аллергии, только там реакция на раздражители специфические. Вот пример. Некий «отзыв», цитируя мои слова о гаплогруппе R1a, проявил ту самую патологию: *«Между тем речь идет о тех самых арийцах, о чистоте крови которых говорил Адольф Гитлер. Хотелось бы отделить научные факты от фашистских кровавых идей о превосходстве одной расы над другой»*.

Помилуйте, какая «раса», какое «превосходство»? Я же ясно пишу, что носителями гаплогруппы R1a являются до 63% этнических русских, до 50% украинцев, белорусов, поляков. Где там Гитлер? Где «фашистские кровавые идеи»? Где «превосходство расы»? Да здоровы ли люди, выставляющие подобные комментарии?

Мало ли о чем говорил Гитлер? Он, например, акварелью хорошо рисовал, чуть было не поступил в художественную

академию. Жаль, что не поступил, история бы другим путем пошла. Что, теперь от акварели в истерику впадать? Арии — совершенно принятый исторический, археологический, лингвистический термин, как и индоарии, авестийские арии, иранские арии. В Таджикистане, как я уже отмечал, недавно праздновали Год арийской цивилизации. Или таджики себя высшей расой провозглашают? «Кровавые идеи» выдвигают?

У меня, поделюсь, есть свой критерий в выборе собеседников или дискутантов. Как только человек в разговоре про гаплогруппу R1a и (или) ариев начинает вспоминать Гитлера, я поворачиваюсь к нему спиной и ухожу. Он — больной человек. С таким не стоит общаться. Он живет шаблонами, в мозгу — прямые линии. Из таких получались классические вертухаи, для которых шаг в сторону — побег.

Кстати, основное преступление нацистов было совсем не провозглашение себя «ариями». Провозгласили, и пусть с ними. Чем бы дитя ни тешилось. Тем более, что среди современных немцев примерно 20% действительно относятся к гаплогруппе R1a, и чем дальше от Западной к Восточной Германии (и далее на восток), тем этот процент выше. Это — именно потому, что на востоке Германии издавна жили славяне, о чем фильм М. Задорнова и повествует, и что полностью подтверждает ДНК-генеалогия. Немецкие ученые отнюдь не были глупыми, они проводили глубокие исследования, и выявили сходство арийских символов, богов, культурных признаков между древними германцами и индийскими ариями, и поняли, что индоарии имели европейские корни. Это же подтверждает и ДНК-генеалогия.

Но не в этом было преступление нацистов, пока это было только наукой. К сожалению, нацисты пошли дальше, и объявили ариев «сверхчеловеками», избранной расой, а себя — их культурными преемниками. Следующий шаг был — уничтожать «недочеловеков», среди них — евреев, цыган, славян, гомосексуалистов. Как только было произнесено слово «уничтожать», и слово претворилось в действие — нацисты поставили себя вне цивилизованного человечества, и в итоге подписали себе смертный приговор. Правда, до того они подписали смертный приговор миллионам невинных людей.

Поэтому возлагать вину за это на ариев, которые жили тысячелетия назад — это крайняя степень идиотизма. Эту степень многие «дискутанты» успешно примерили на себя.

На самом деле арии, носители гаплогруппы R1a, не были ни отдельной расой, ни сверхчеловеками. Расы они были европеоидной, говорили на арийских языках, которые в XX веке были переименованы в «индоевропейские», в пику немецким лингвистам, которые назвали эти языки «индогерманскими», и нацисты это с удовольствием подхватили. Если углубляться в детали, то арии относились в основном к ветви гаплогруппы R1a, с индексом L342.2, и начали (или продолжили) свой путь на восток из Днестро-Донского региона, где, видимо, ими и были изобретены и построены боевые колесницы. Это ограничило их в основном степным и лесостепным ареалом, и позволило продвигаться их боевым экспедициям с достаточно большой скоростью. Их потомки, принадлежащие ветви L342.2 (субкладу, как говорят в ДНК-генеалогии), живут и в наше время на Украине и в России, не подозревая о том, что они прямые потомки ариев. Когда я писал об этом совместную статью с профессиональным археологом, который занимается ариями и их колесницами, и я упомянул, что могу дать в статье фамилии этих потомков, наших современников, археолог оторопел. Все, что он смог из себя выдавить: «Это было бы круто».

Продолжаем про ариев и индоевропейцев. Некий «специалист» в сети высказал свое недовольство моими популярными работами (до научных он не добрался, что характерно для таких «специалистов») следующим образом: «*Арии замещаются словом славяне, индоевропейцы замещаются словом арии. Получается, что индоевропейцы это арии, и это праславяне и славяне. Лингвистика (собственно, мать индоевропейской теории) не поддерживает этой точки зрения. Но кто ее будет спрашивать? Ознакомьтесь, если интересно: http://www.lebed.com/2008/art5375.htm, http://www.lebed.com/2008/art5386.htm*».

Это — очередной пример того, что даже когда пишешь популярно (процитированы именно научно-популярные, а не научные статьи), многие не понимают довольно элементарных вещей. Дело в том, что даже при крайнем разжевывании не всем удается проглотить. Я уже здесь ничем помочь не могу, кроме как дать очередное разъяснение, что сейчас и делаю. Арии не могут быть заменены словом «славяне», если этому не дать соответствующего определения, что такое арии

и что такое славяне. Славяне, повторяю, бывают разные, в зависимости от контекста и определений. Есть славяне «лингвистические», и тогда ариями они никак не могут быть. Есть славяне, относящиеся к гаплогруппе R1a, и тогда они вместе с ариями относятся к одной гаплогруппе, к одному роду. То есть они — потомки одного и того же общего предка, предка данной гаплогруппы. Они — одного рода-племени (впрочем, здесь опять надо давать определение, что есть племя). Нельзя впустую критиковать, не определив объект критики, и не предлагая свое собственное решение.

Далее, индоевропейцев, живших ранее 3000 лет назад вполне уместно заменить словом «арии», или понятием «носители гаплогруппы R1a». Именно арии, они же носители гаплогруппы R1a, пройдя по Русской равнине 4500—3500 лет назад, принесли свой индоевропейский, он же арийский, язык в Индию. С тех пор индоевропейская семья языков значительно расширилась, нее уже входят почти все европейские языки (кроме баскского, венгерского, финского и эстонского), и в индоевропейской семье в настоящее время арийская ветвь языков существует, как видно по названию, уже одной ветвью. В свою очередь, ее подветвью является индоиранская ветвь. Таким образом, в настоящее время (!) индоевропейцы и арии уже не являются эквивалентом. То, что написал «критик»: *«получается, что индоевропейцы это арии, и это праславяне и славяне»* — это совершенно неверно, и у меня этого не было и быть не могло, в применении к нашим временам. Это уже фантазии «критика», либо умышленное передергивание, но скорее от невежества. Четырем понятиям, приведенным в цитате выше (индоевропейцы, арии, праславяне, славяне) соответствуют определенные исторические периоды, и все четыре никогда не пересекались во времени (за исключением того, что арии и были праславяне, при соответствующих определениях). Но это опять нуждается в определениях, хотя «праславян» и «славян» во времени не пересечь, как ни определяй. В общем, опять безграмотность критика и отсутствие его желания, или умения думать, размышлять. Это — бич подобных «критиков».

Продолжаем про славян и скандинавов. Еще один «критик» фильма, по фамилии Жуков, якобы историк, пишет: *«(Проводится) сознательное удревнение истории. Согласно*

*анализу ДНК, результаты которого приводит автор, предки восточных славян имеют более древний набор генов, нежели предки скандинавов. При этом, приводится аргумент убийственной силы: культура не есть народ. Хочу спросить: а что тогда народ?*

*Простой бытовой пример главенства старшинства, таким образом, должен доказать всем и каждому, что скандинавы по отношению к славянам были младше, а значит, и менее развиты».*

Критик опять все перепутал. Во-первых, никакого «более древнего набора генов» и в помине не было. ДНК-генеалогия изучает негенные области ДНК, поскольку гены перетасовываются между ДНК матери и отца, и никакой генеалогии там не найти, тем более после нескольких поколений. Есть, конечно, приемы генетического анализа, но это уже не генеалогия, а рассмотрение фрагментов ДНК, с бору по сосенке. Ну это ладно, не знает человек, это не его вина. Просто раз не знает, можно было бы и не выступать, а сначала сверить, так ли на самом деле говорил автор. Хорошо, пусть «критик» имеет в виду Y-хромосому, ее гаплотипы. Но и в этом случае он говорит ерунду. Никто никогда не говорил, по крайней мере «автор», что *«предки восточных славян имеют более древний набор* (пусть будет мутаций в Y-хромосоме), *нежели предки скандинавов»*. Во-первых, это не так. У скандинавов значительная доля гаплогруппы I, которая, видимо, самая древняя среди европейцев, ей по меньшей мере 45 тыс. лет. Только при чем здесь это? Это что, должно означать, что скандинавы значительно более развиты? У чернокожих африканцев гаплогруппе A вообще 120 тыс. лет, и что? Причем здесь «развитие»?

Иначе говоря, «критик» здесь строит, как говорят англоязычные люди, «соломенное чучело», и сам с ним же воюет. По-русски — это ломиться в открытую дверь.

В отношении *«аргумент убийственной силы: культура не есть народ. Хочу спросить: а что тогда народ?»* критик опять не по адресу. ДНК-генеалогия занимается не «народами», а родами, которые передают потомкам свои наследственные метки, и таким образом выявляют древние миграции в ходе тысячелетий, и порой в ходе десятков тысяч лет. ДНК-генеалогия не занимается «культурой», как не занимается

«культурой» астрономия. У нее другие задачи. Не занимается ДНК-генеалогия «народом», у «народа» свои критерии и свои исследователи. Химия тоже не занимается «народом», у нее тоже свои задачи. Не надо лезть со своими представлениями в специализированные направления и задавать глупые вопросы, если надо — занимайтесь сами, синтезируя подходы разных направлений науки. Хотя выводы ДНК-генеалогии можно интерпретировать и в культурном аспекте, переходя в другую парадигму.

Продолжая ломиться в открытую дверь, одновременно сражаясь с «соломенным чучелом», «критик» продолжает идти не в ту степь. Цитирую: «*Тезис о прародине ариев на Руси (в связи с тем, что здесь ДНК претерпел больше мутаций, нежели в Индии и Иране — а следовательно, по идее автора, это говорит о бо́льшей древности местного арийского населения, что и заставляет его говорить о славяно-ариях; однако, то, насколько мутирует ДНК совершенно не говорит о древности — поскольку древность должна быть одинаковой у обоих народов, а бо́льшее количество мутаций может говорить, к примеру, о специфике условий среды обитания или о смешивании с представителями других ДНК*)».

Здесь — опять нагромождение несуразиц. Даже не знаю, нужно ли это комментировать. Опять «*количество мутаций может говорить о специфике среды обитания*» — да не говорит оно ни о какой специфике обитания. Ну нельзя же нести ахинею, претендуя на «научную дискуссию». Среднее количество мутаций на гаплотип ДНК говорит о времени, прошедшем со времени жизни общего предка данной популяции. Понимаю, что это сложно и не всем доступно, и что нужна еще пара страниц, чтобы это объяснить, но ведь критик этого ничего не знает, зачем же комментировать, раз не знает и не понимает? Вот что удивляет.

Хорошо, вот аналогия. Расстояние, на которое в каждый данный момент продвинулась кольцевая волна от брошенного в воду камня, зависит от скорости распространения данной волны. Если эту скорость изначально определить, то можно для любого момента времени вычислить, когда именно камень был брошен в воду. А по виду кольцевых волн вычислить, и где, в какой точке этот камень коснулся воды. Понятно? Теперь вылезает «критик» и говорит — теория неправиль-

ная, потому что на пути распространения волн может быть остров. И вообще, может дождь пойти, гром с молнией, землетрясение, астероид может неподалеку упасть. Ну понятно, ясень пень, все может быть. И супостат может тот камень перехватить, подменить, воду выкачать. Но разве об этом речь?

Короче, есть наука ДНК-генеалогия, со своими четкими правилами определения мутаций в ДНК, формулирования и описания картины мутаций, соответствующих расчетов, и в итоге оказывается, что по Русской равнине в диапазоне времени 4500—3500 лет назад проходили миграции ариев, и соответствующие гаплотипы потомков там и остались, и их можно расклассифицировать по гаплогруппам, субкладам, ветвям, вычислить времена жизни предков данных популяций, убедиться, что в сегодняшней России и в сегодняшней Индии живут потомки тех самых предков, и получить много уникальной информации, которую раньше получить было невозможно, не было таких средств у науки. Теперь есть. Вот что важно. А долдонить, не понимая сути, о том, что могло быть «смешивание с представителями других ДНК» — это не понимать азов. Потому что это «смешивание» однозначно и в одно касание тут же выявляется и проблем никаких не создает. Если у вас в авоську с яблоками случайно попадает арбуз, вы что, не видите? Яблоки же ведь поштучно перебираются, как и гаплотипы при расчетах. Читаешь вот такое у «критиков», и не знаешь, смеяться или плакать. Страшно далеки они от народа. Специалистов они за идиотов держат, что ли?

И что занятно, у каждого такого «критика» хор подпевал. В мини-комментариях после нее — «великолепное рассмотрение», «это полный разгром», «разоблачение фальшивок». Смотришь на все это, и думаешь: «Бедная страна, до чего тебя довели».

Ну ладно, достаточно. Основные направления «критики» выявили и показали. Ну хоть бы одна толковая мысль, так нет — полное убожество.

## Глава 14

# ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ ПРОТИВ НОРМАННСКОЙ ТЕОРИИ

### *2. О «ШВЕДСКИХ» И «УГРО-ФИНСКИХ» КОРНЯХ РЮРИКОВИЧЕЙ, ЧТО ЕСТЬ НЕПРАВДА.*

Переходим к «шведскому происхождению Рюрика». Здесь в среде «историков» и «косящих под них» — полная какофония. Одни «историки» пишут — швед он был. Другие — норвежец, третьи — датчанин, четвертые — угро-финн. Журнал Newsweek (русское издание, https://www.box.com/s/7xtnszfzr903iu6iu2fe) пишет: «*Норманистам, с XVIII в. твердящим о скандинавских корнях варяга, конечно, придется по душе угро-финская версия*». И дальше: «*Генетики согласны, что ДНК Мономашичей скорее указывают на их скандинавское происхождение. «Результаты анализов Шаховского, Гагарина и Лобанова-Ростовского свидетельствуют, что они были скорее скандинавами, чем балтами. Судя по популяционному распределению их гаплотипа, он частенько присутствует на севере Норвегии, в Швеции, Финляндии и Эстонии; и только один случай на многочисленную выборку у поляков, при этом ни одного случая у балтов», — сказал Newsweek завлабораторией генетики Института биологических проблем Севера Борис Малярчук. Наш поиск по крупнейшей онлайновой базе Ysearch подтвердил его слова: среди найденных там нескольких десятков генетических родственников Рюриковичей 90% заявили, что их дальние предки жили в центре и на севере современной Финляндии, а оставшиеся 10% указали Швецию и Британию*».

Я не знаю, кого они искали и с кем они говорили, и кто такие «генетические родственники Рюриковичей», да еще «несколько десятков», только здесь практически каждое слово — неправда.

Уже после выхода фильма М. Задорнова в эфир, в программе Павла Лобкова прошло интервью с неким Владимиром Волковым, историком из Томска. Волков почему-то представился «генетиком» и «ДНК-генеалогом», хотя ни тем и ни другим не является. Уже в начале передачи Волков заявил, что гаплотипы Рюриковичей — «шведские». Стало ясно, что к ДНК-генеалогии Волков имеет минимальное отношение, потому что шведских гаплотипов просто не бывает. Об этом — данная, вторая часть этой статьи.

Итак, имеем откровенную дезинформацию журнала Newsweek (правда, под вывеской «генетики согласны»), процитированную выше, что якобы:

• Рюриковичи имеют скандинавское происхождение.

• Что Рюриковичи имеют «финно-угорское» происхождение.

• Что они «были скорее скандинавами, чем балтами».

• Что «судя по популяционному распределению их гаплотипа, он частенько присутствует на севере Норвегии, в Швеции, Финляндии и Эстонии; и только один случай на многочисленную выборку у поляков, при этом ни одного случая у балтов» — по словам завлабораторией генетики Института биологических проблем Севера Бориса Малярчука.

• Что среди найденных нескольких десятков генетических родственников Рюриковичей 90% заявили, что их дальние предки жили в центре и на севере современной Финляндии, а оставшиеся 10% указали Швецию и Британию.

То, что якобы «родственники» такое заявили, это, конечно, может быть, но откуда эти «несколько десятков генетических родственников» появились, и как проверялось, что они действительно «генетические родственники»? И почему именно Рюриковичей, это-то откуда?

Давайте этим и займемся на нескольких последующих страницах.

Для этого нам понадобится объяснить три понятия — гаплогруппа, гаплотип, и дерево гаплотипов. Далее, объяснить, как ведутся расчеты, и какого типа выводы из этих расчетов делаются. Объяснять будем «на натуре», так понятнее, чем сухая теория.

Гаплогруппа — это род человека (в данном случае). Рода-гаплогруппы обозначаются индексами. R1a мы уже знаем из

первой части настоящей статьи, если кто не знал ранее. Всего у современного человечества, у его мужской части, 20 основных гаплогрупп, их обозначают по буквам латинского алфавита от А до Т. В отношении возможных Рюриковичей нас будут интересовать две гаплогруппы, N и R, точнее, их более недавние ответвления, R1a и N1c1. Это как бы молодые побеги на старом дереве. Сами гаплогруппы N и R образовались примерно 20 и 30 тыс. лет назад соответственно, причем это образование было многоступенчатым, путем мутаций, спонтанно возникающих в Y-хромосоме ДНК у гаплогрупп-предшественников. Вдаваться в детали здесь нет возможности, все это описано в научной литературе, и наиболее доступно, наверное, в книге «Происхождение человека (по данным антропологии, археологии, ДНК-генеалогии)» (А.А. Клёсов и А.А. Тюняев, 2010). Книга большая, в ней более тысячи страниц, но можно ограничиться введением в раздел «ДНК-генеалогия», состоящим из глав «Определения» и «Общие принципы ДНК-генеалогии».

В ходе миграции из Алтайского региона (который оказался колыбелью значительной части человечества, или если не колыбелью, то детским садом) на север, на Урал, гаплогруппа N в своем мутационном развитии образовала подгруппу, субклад, ветвь (все термины в ходу) N1, затем N1c, затем N1c1. В истории этой миграции много остается неясным, особенно в ее начальном периоде, но в настоящее время считается, что миграция через Сибирь началась примерно 8 тыс. лет назад, гаплогруппа N1c образовалась примерно 6 тыс. лет назад, и гаплогруппа N1c1 двигалась с Урала на Балтику примерно 4 тысячи лет назад. Эту гаплогруппу можно условно назвать уральской. Можно было бы обратиться к лингвистике, чтобы объединиться с ними в названиях, но, к сожалению, далее на запад и юг от уральской группы языков лингвисты в своей безграничной мудрости постоянно вставляют в языки слово «финские», «финно-угорские», «финно-пермские», «финно-волжские», «прибалтийско-финские». Как мы ниже увидим, это не согласуется с картиной миграций народов, родов, гаплогрупп. Эти миграции шли разными группами — будущие финны отдельно, будущие южные балты — отдельно. Они — не финны по происхождению, по генеалогии.

Что мы увидим — так это то, что на своем пути с Урала гаплогруппа N1c1 разошлась на два потока, один направился на территорию современной Финляндии, прибыл примерно 2000—1500 лет назад, и имеет полное право называться финским, другой — в сторону Южной Балтики (современные этнические русские, литовцы, поляки), прибыл раньше, примерно 2500—2000 лет назад. Это — южные балты, и вовсе не финны. Гаплогруппа многих там N1c1, но мы знаем, что ни поляки, ни литовцы на «финских» языках не говорят. Их гаплотипы в основном принципиально другие, чем у финнов. Это по происхождению другая группа людей. И вообще, лингвисты вполне могли назвать эти языки южно-балтийскими, совершенно с тем же основанием, но почему-то назвали «финскими», с той же безграничной мудростью.

Короче, постепенно подходя к сути нашего повествования, вокруг Восточной Прибалтики живут два народа, финны и южные балты, каждый со своим набором гаплотипов, да и гаплогрупп. Дело в том, что если уходить глубже в гаплогруппу N1c1, то у финнов в основном так и остается N1c1, а у южных балтов появляется N1c1-L550, Это означает, что северный миграционный поток донес свою гаплогруппу N1c1 до территории современной Финляндии, а в южном потоке и несколько более древнем, южно-балтийском, у кого-то из отцов-основателей проскочила мутация L550, в потомках закрепилась, и именно эти потомки в основном выжили среди южных балтов гаплогруппы N1c1. Вот такая лотерея, в которую природа играет, не переставая. Естественно, к южным балтам могли примкнуть и те, кто сохранил исходную гаплогруппу N1c1, без L550, и, тем не менее, стал частью южных балтов. А какое-то количество тех, кто получил L550, могли уйти с финнами, или переселиться к ним позже, например, во времена Российской империи, в которую Финляндия входила на протяжении более ста лет (1809—1917), а до того финнами 7 веков правили шведы. Переселяются из России в Финляндию и сейчас. Поэтому надо понимать, что ДНК-генеалогические признаки не являются абсолютными (как, впрочем, и никакие другие), но они, будучи вероятностными, помогают приходить к определенным выводам, особенно когда подкрепляются положениями археологии, антропологии, лингвистики, которые, естественно, тоже не являются абсолютными.

Так происходит постепенное приближение «к истине», которая тоже не абсолютна, потому что в постоянном приближении. Так работает наука.

Сейчас мы увидим, как эти приближения позволяют выстраивать концепцию относительно «Рюриковичей».

Итак, с гаплогруппами мы разобрались. Так вот, «Рюриковичи», а именно князья, члены Российского Дворянского собрания которые себя считают Рюриковичами, на самом деле имеют две основные гаплогруппы, R1a и N1c1. «Критики», провозглашающие «шведские» гаплогруппы или гаплотипы, об этом почему-то умалчивают. Тот же Волков, выдающий себя за «ДНК-генеалога», и за «специалиста по Рюриковичам», об этом почему-то ни слова не сказал. Что это, как не скрытое мошенничество?

Кто имеют гаплогруппу R1a? Наиболее серьезные кандидаты на «Рюриковичей» — группа из четырех человек — князь Оболенский, князь Волконский, Пентекост-Волконский, князь Барятинский. Их гаплотипы следующие:

**12** 25 17 10 10 14 12 12 11 13 11 17 — 16 9 10 11 11 23 14 21 **33**<br>12 15 15 16 — **12** 11 19 23 17 16 18 19 34 41 14 11;

13 25 **15** 10 10 14 12 12 11 13 11 17 — **15** 9 10 11 11 23 14 21 32<br>12 15 15 16 — 11 11 19 23 17 16 18 19 **35 40** 14 11;

13 25 17 10 10 14 12 12 11 13 11 **16** — 16 9 10 11 11 23 14 21 **33**<br>12 15 15 16 — 11 11 19 23 17 16 18 19 **35 39** 14 11;

13 25 17 10 10 14 12 12 11 13 11 17 — 16 9 10 11 11 23 14 21 32<br>12 15 15 16 — 11 11 19 23 **16** 16 18 19 34 41 14 11.

Гаплотипы — это совокупность фрагментов в ДНК, выбранные для ДНК-генеалогического анализа. Выше — четыре 37-маркерных гаплотипа. Каждый маркер, или локус — это определенный фрагмент, участок Y-хромосомы (в данном случае), содержащий повторяющиеся последовательности нуклеотидов. Например, в первом локусе у троих «Рюриковичей» одна и та же четверка нуклеотидов (AGAT) повторяется 13 раз:

GTGGTCTTCTACTTGTGTCAATAC/**AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/**
**AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/**ATGT
ATGTCTTTTCTATGAGACATACCTCATTTTTTGGACTTGAGTTC,

а у одного — 12 раз:

GTGGTCTTCTACTTGTGTCAATAC/**AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/**
**AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/AGAT/**ATGTATGTC
TTTTCTATGAGACATACCTCATTTTTTGGACTTGAGTTC.

Это означает, что копирующий фермент дал сбой, скопировал четверку AGAT на один повтор меньше, и этот сбой пойдет, наследуясь, уже по линии потомков, до следующего сбоя. Сбой именно в этом локусе происходит в среднем раз в 1316 поколений (то есть раз в 1316 копированиях), или примерно раз в 33 тысячи лет. Можно перефразировать — такая мутация случается в среднем один раз на 1316 рождений мальчиков. Какое уж там влияние радиации... (см. часть 1 настоящей статьи) Все эти мутации неупорядоченные и непредсказуемые, никто не знает и нельзя рассчитать, у кого следующего произойдет.

Еще более медленный маркер в гаплотипах — седьмой по счету от начала, он у всех четырех Рюриковичей в этом локусе повторяется 12 раз. Это уже тройка нуклеотидов GTT:

CTCAAAGTATGAAAGCATGACCACTTCATTTATTGT/**GTT/GTT/GTT/**
**GTT/GTT/GTT/GTT/GTT/GTT/GTT/GTT/GTT/**GACACAAAGTCTC
GTCTTGTCACC.

Неудивительно, что у всех четырех Рюриковичей число повторов одинаково. Сбой именно в этом локусе происходит в среднем раз в 11100 поколений (то есть раз в 11100 копированиях), или примерно раз в 280 тыс. лет. Или, как пояснено выше — такая мутация случается в среднем один раз на 11100 рождений мальчиков.

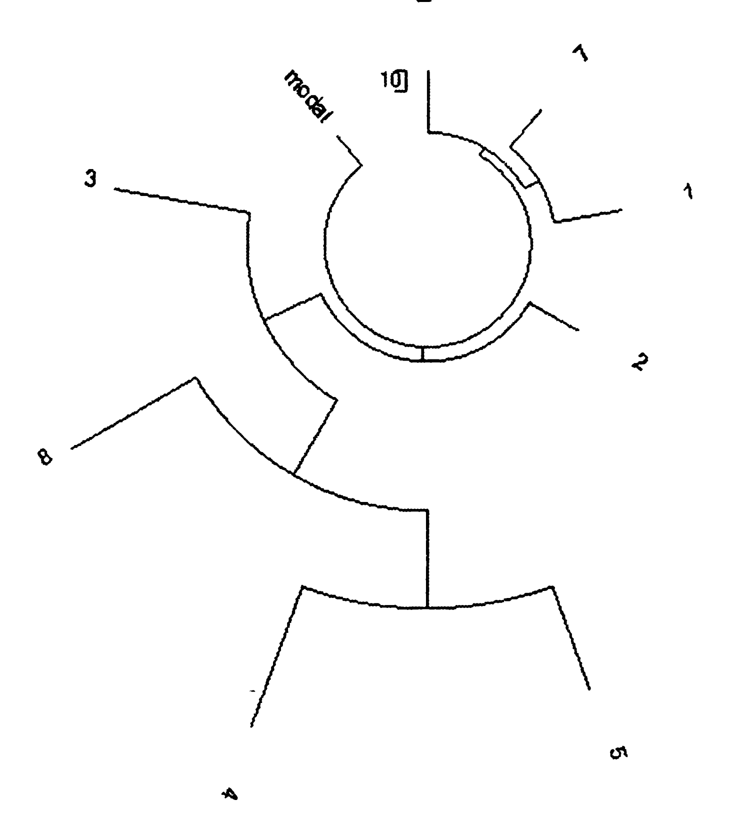
Во втором по порядку локусов у всех приведенных здесь «Рюриковичей» этот «тандемный повтор» произошел 25 раз, и так далее. Выделены в гаплотипах «Рюриковичей» мутации, их среди данных четырех Рюриковичей — 14. Но мы знаем, из многих сотен и тысяч экспериментов, что во всех 37 ло-

кусах мутации происходят в среднем со скоростью 0,09 мутаций на весь гаплотип на поколение, то есть раз в 11 поколений, или раз в 280 лет (Rozhanskii and Klyosov, 2011). Вот и набежали 14 мутаций со времени жизни общего предка этих четырех человек. Отсюда можно рассчитать, когда он жил: 14/4/0,09=39 поколений назад, с небольшой поправкой на возвратные мутации (природу которых здесь обсуждать не будем) — 41 поколение назад, то есть 41x25=1025 лет назад. Это (2012-1025)=примерно 987-й год, но с погрешностью, рассчитанной по определенным правилам это год 987±290 от начала нашей эры. 25 лет на поколение — это калиброванная величина для скорости мутации 0,09, показанной выше. Для 30 лет на поколение скорость мутации была бы равна 0,108 мутаций на гаплотип на поколение, для 20 лет на поколение — 0,072 мутаций на гаплотип на поколение. Какое бы мы число лет на поколение ни брали, все равно получится приведенная выше величина 1025 лет назад, потому что тогда надо соответственно (пропорционально) менять константу скорости мутации.

Итак, время жизни общего предка четырех Рюриковичей гаплогруппы R1a — год 987±290 от рождества Христова. А когда по преданиям жил легендарный Рюрик? Пожалуйста, умер в 879 году, но и это предположительно. Вполне не противоречит. Так откуда с такой уверенностью, выдающей блефующего мошенника, «историки утверждают» и «генетики согласны», что «гаплотип шведский», что Рюрик был то ли шведом, то ли немцем, то ли норвежцем, то ли финном? Ну ладно, с историками ясно, просто очень хотелось выдать за скандинава, по какой-то странной причине, но откуда «генетики согласны»? Какие такие генетики? На каком основании «согласны»?

В связи с этим показательна фраза из российского издания Newsweek: *«Норманистам... конечно, придется по душе угро-финская версия...»* Что у них за душа такая интересная?

Приведенные выше данные и расчеты просто так отвергнуть нельзя. Для этого нужны другие данные и/или другие расчеты, самостоятельно разработанные, а вот с этим будет посложнее. Ни «историки», ни «генетики» этого не умеют. Дурачить просто так они могут, а вот когда доходит до науки, там они пасуют.



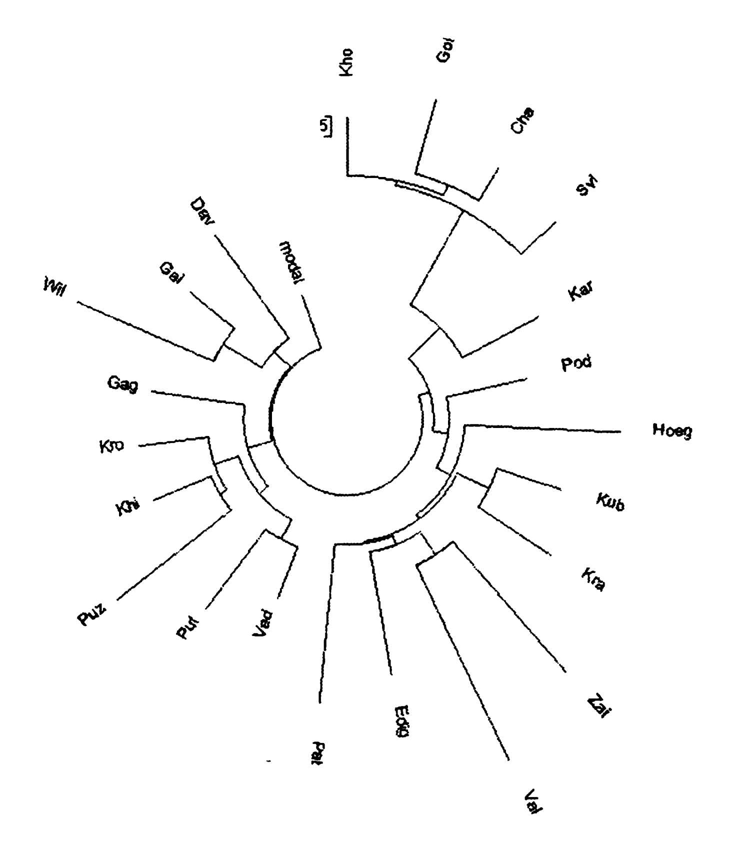

Дерево 37-маркерных гаплотипов 8 человек гаплогруппы R1a, по одной из версий принадлежащих «потомкам Рюрика». 1 — князь Оболенский, 2 — князь Волконский, 3 — князь Шуйский, 4 — Карпов, 5 — князь Белозерский, 6 — Пентекост-Волконский, 7 — князь Барятинский, 8 — князь Друцкой-Соколинский. Видно, что гаплотипы относятся к нескольким линиям, причем гаплотипы 3, 4, 5 и 8 к совершенно удаленным. Четыре гаплотипа в верхней части дерева (Оболенский, Волконский, Пентекост-Волконский и Барятинский) имеют общего предка, который жил 1025±290 лет назад

Пошли дальше. Откуда наша фраза «Наиболее серьезные кандидаты на «Рюриковичей» — группа из четырех человек — князь Оболенский, князь Волконский, Пентекост-Волконский, князь Барятинский»? Ответ — да из дерева гаплотипов R1a. Эти четыре человека, точнее, их гаплотипы, составляют верхнюю правую ветвь на дереве (гаплотипы 1, 2, 6, 7). Остальные четыре гаплотипа, принадлежащие князю Шуйскому (гаплотип 3), князю Белозерскому (гаплотип 5), князю Друцкому-Соколинскому (гаплотип 8), и гражданину Карпову (гаплотип 4) на Рюриковичей претендовать, увы, не могут. Мутации в их гаплотипах скачут как зайцы, там 53 мутации на четыре гаплотипа. Это помещает их общего предка на 53/4/0,09=147→172 поколения, или 4300 лет назад. Не Рюриковичи эти князья, и совершенно не родственники первой четверке Рюриковичей, ни один из них. Их общий предок жил на заре прибытия праславян на Русскую равнину, когда Рюриковичей и в проекте не было.

Но и эти данные не позволяют безоговорочно считать четверых «Рюриковичей» гаплогруппы R1a истинными Рюриковичами. Во-первых, на гаплотипах слово «Рюрик» не написано. Их предком, несомненно, был знатный воевода, может, его звали Рюрик, может, нет. Эти данные важны в основном потому, что показывают, как жульничают «генетики», полуправдой оперируют, а полуправды, как и осетрины второй свежести, не бывает. Значит — ложь.

Во-вторых, есть еще причина рассматривать «Рюриковичей» гаплогруппы R1a как вариант, как альтернативу. Это то, что есть еще группа князей, в большинстве членов Российского Дворянского собрания, но уже гаплогруппы N1c1, которую мы тоже рассматривали в первой части настоящей статьи. Вот дерево гаплотипов, на которых князья занимают нижнюю левую ветвь.

Князей — шесть человек — Гагарин, Кропоткин, Хилков, Пузына, Путятин, Вадбольский. Это те, кто имеют протестированные 67-маркерные гаплотипы, которые наиболее чувствительны к вариациям. А поскольку их уже шесть человек, да на каждого 67 маркеров, то на всех уже 402 маркера. Напомню, что в серии R1a маркеров было 4x37=148 маркеров. Это не влияет особенно на результат, но влияет на величину погрешности расчетов.




Дерево 67-маркерных гаплотипов 22 человек гаплогруппы N1c1, которые претендуют быть Рюриковичами. Видно, что гаплотипы относятся, по меньшей мере, к четырем линиям, общий предок которых жил примерно 3200 лет назад. Шесть гаплотипов внизу слева (Гагарин, Кропоткин, Хилков, Пузына, Путятин, Вадбольский) имеют общего предка, который жил 1125±230 лет назад (примерно 887±230 год н.э.); семь гаплотипов справа внизу — примерно 2325 лет назад (прошлая эра). Четыре гаплотипа справа вверху (плоская ветвь), предположительно «Гедиминовичи», общий предок жил 520±170 лет назад, XV век плюс-минус один-два века, но они на тысячелетия отличаются от ветви из шести гаплотипов слева. В историческом смысле «Гедиминовичи» не родственники «Рюриковичам», их общий предок жил примерно 3035 лет назад, во 2 тыс. до н.э.

Теперь настало время ввести понятие базового гаплотипа. По сути — это гаплотип общего предка, в данном случае всех шести человек.

Называть его именно «предковым» в общем случае рискованно, так как он расчетный. Остальные гаплотипы расходятся от него как круги по воде от брошенного камня. И как можно при умении по кругам рассчитать, куда именно был брошен камень и когда он был брошен (для этого надо знать скорость распространения кругов по воде), так же при умении можно рассчитать, когда жил общий предок, зная константу скорости мутации гаплотипов. Как именно — это уже было показано чуть выше.

Так вот, базовый, то есть предковый гаплотип для указанных шести «Рюриковичей» в данном случае определяется надежно. Он — следующий:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11.

А вот и сами 67-маркерные гаплотипы этих шести князей:

Gag 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 **29** 14 **15** 15 15 — **12** 11 18 20 14 15 16 **18** 34 34 **14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 **22** 22 14 10 12 12 18 7 **12** 21 21 **15** 12 11 10 11 11 12 11;

Kro 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 **24** 14 19 28 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 **19** 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Khi 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 **29** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

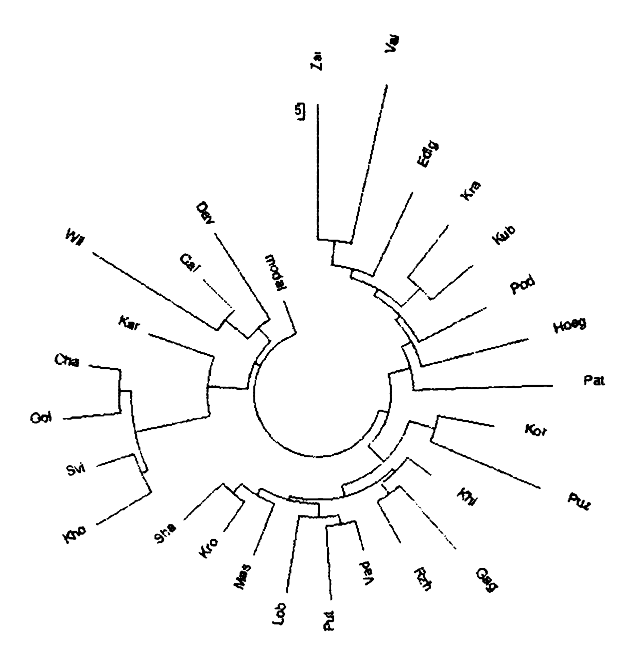
Puz 14 23 14 **10** 11 13 11 12 **11 13** 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 **14 14** — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 **9** — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Put 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 **17** — 18 9 9 11 12 25 14 19 **30** 14 14 15 15 — 11 **10** 18 20 14 **14 15** 19 34 **35 14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Vad 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 **27** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 **35 14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11.

Все 6 человек отличаются по своим гаплотипам от приведенного базового на 31 мутацию, что дает 31/6/0,12=43→45 условных поколений (по 25 лет каждое) назад, или 1125±230 лет от их общего предка. Это — примерно 887±230 год. Как видно, это не противоречит годам жизни Рюрика (умер в 879 году) или его именитого современника. На самом деле совпадение здесь практически абсолютное, но не будем на этом фокусироваться, расчетная погрешность не позволяет.

Теперь из педагогических соображений поделюсь маленькой хитростью. Те шесть гаплотипов князей, как и остальные 16 гаплотипов на дереве, были мной описаны и проанализированы в издании «Вестник Академии ДНК-генеалогии» в феврале 2011 года и в сентябре 2012 года. С того времени добавились еще пять 67-маркерных гаплотипов князей гаплогруппы N1c1 — Шаховского, Массальского, Ржевского, Лобанова-Ростовского, Корибут-Воронецкого. Но хитрость не в этом, а в том, что я рассмотрел в настоящей статье оба варианта — предыдущий, с шестью князьями, и последний, с одиннадцатью. Сделал я это для того, чтобы отмести обычные соображения тех, кто в этом не слишком понимают, и тут же заводят разговор, что «выборка мала, данные недостоверны». Вот давайте и посмотрим, как изменится картина и расчеты при переходе от 6 к 11 князьям гаплогруппы N1c1. Новое, увеличенное дерево гаплотипов приведено на следующем рисунке.




Дерево 67-маркерных гаплотипов 27 человек гаплогруппы N1c1, которые претендуют быть Рюриковичами. Видно, что гаплотипы относятся, по меньшей мере, к четырем линиям, общий предок которых жил примерно 3200 лет назад. Шесть гаплотипов в нижней части дерева (Гагарин, Кропоткин, Хилков, Пузына, Путятин, Вадбольский, плюс добавленные гаплотипы Шаховского, Ржевского, Массальского, Лобанова-Ростовского и Корибут-Воронецкого) имеют общего предка, который жил 1150±190 лет назад (примерно 862±190 год н.э.; восемь гаплотипов справа вверху имеют общего предка в середине прошлой эры, к Рюриковичам никакого отношения не имеют (это — некто Кубарев со своей «командой», которую подобрал по сходству гаплотипов со своим, и который бурно претендует на линию «Рюриковича», объявил себя «Великим князем», «членом Российского Императорского дома», и судится с российским правительством за право на обладание всеми кремлями Российской Федерации, начиная с московского Кремля; впрочем, юродивых на Руси всегда хватало). Четыре гаплотипа слева (плоская ветвь), предположительно «Гедиминовичи», общий предок жил 520±170 лет назад

Добавленные пять 67-маркерных гаплотипов следующие:

Sha 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 **17** — 18 9 9 11 12 25 14 **20 28** 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15 **17** 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 **19** 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Mas 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 **28** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 **15** 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 **12** 10 12 20 22 14 10 12 12 **20** 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Rzh 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 **17** — 18 9 9 **10** 12 25 14 19 29 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15 16 19 34 34 **14** 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Lob 14 23 14 11 **12** 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 **27** 14 14 15 15 — **12** 11 18 20 14 15 16 **18 35 35** 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11;

Kor 14 23 14 11 11 13 11 12 10 **13** 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 **28** 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 **17** 7 13 21 21 **15** 12 **12** 10 11 11 12 11.

Как нетрудно убедиться, они имеют тот же самый базовый (предковый) гаплотип, приведенный выше,

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16 — 18 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11.

Это и понятно почему — мутаций так (относительно) мало, что все гаплотипы группируются вокруг предкового гаплотипа.

Все 5 человек отличаются по своим гаплотипам от приведенного базового на 27 мутаций, что в сумме с пре-

дыдущими 31 дает 58 мутаций на 11 гаплотипов, то есть 58/11/0,12=44→46 условных поколений (по 25 лет каждое) назад, или 1150±190 лет от их общего предка. Это — примерно 862±190 год нашей эры. Как видно, это практически та же дата (887±230 год), полученная ранее. Напомним, что Рюрик умер предположительно в 879 году.

В этом и замечательная особенность ДНК-генеалогии. Если гаплотипы неупорядоченно выбирались из одной популяции, с одним общим предком (а состав князей здесь именно неупорядоченный), то результат почти не зависит от размера выборки. Что зависит — так это погрешность расчетов. Но она умышленно завышена, и не может в принципе быть лучше ±10%, так заложено в расчет. Причина этого проста — мы не хотим создавать ложную иллюзию точности расчетов, потому что порой и популяция на самом деле смешанная (то есть в выборку попали гаплотипы другой ДНК-генеалогической линии), и гаплотипов на самом деле мало. Пусть лучше точность показана «с резервом», чем ее преувеличивать.

Итак, мы видим, что как гаплогруппа R1a, так и N1c1, вписываются по общим предкам «Рюриковичей» в обе группы князей, членов Российского Дворянского собрания. Но кто такие N1c1? Это что, в самом деле шведы, или финны, или датчане?

Да ничего подобного. Давайте разберемся.

Как уже упоминалось выше, гаплогруппа N1c1 разошлась в итоге своей миграции на Балтику на две линии, одна финская и одна южно-балтийская, которая есть славянская, русская (на территории России), или польская, или литовская, или латышская. Давайте посмотрим на эти гаплотипы. У них есть два характерных различия. У южных балтов, по сути славян, в гаплотипе есть пара 9-9, и четверка 14-14-15-15. ДНК-генеалог скажет, что это в локусах DYS459a,b и DYS464a,b,c,d, соответственно. Вот они, выделены в предковом гаплотипе русских князей гаплогруппы N1c1:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 18 **9 9** 11 12 25 14 19 29 **14 14 15 15** — 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 14 10 — 11 8 15 18 8 8 10 8 11 10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11.

У финнов там в основном 10-10, и 13-13-14-14. Это — очень заметные различия.

Давайте отбросим все остальные повторы (так называемые аллели), и построим дерево гаплотипов только для этих двоек и четверок, в совокупности. Для построения дерева 6-маркерных гаплотипов привлечем несколько сотен гаплотипов N1c1 из доступных баз данных.

Вот что получилось:

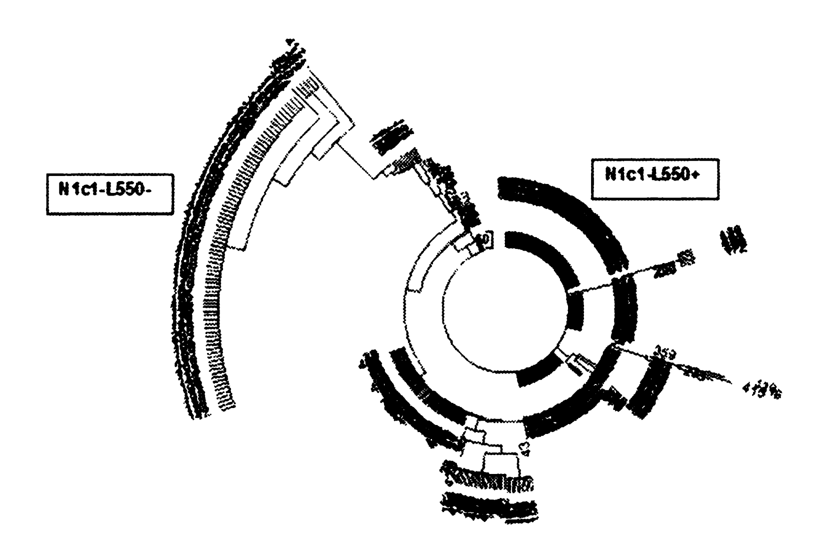



Рис. 052. Дерево гаплотипов 425 человек гаплогруппы N1c1, выявленных по базам данных. Гаплотипы составлены из двоек DYS459 и четверок DYS464. Справа по кругу — в основном славяне (базовый гаплотип 9-9-14-14-15-15), слева на удаленной ветви — в основном финны (базовый гаплотип 10-10-13-13-14-14). Гаплотипы справа по кругу (в основном славяне) принадлежат к субкладу N1c1-L550, гаплотипы слева на удаленной ветви (в основном финны) к этого субкладу не относятся. Большинство из 11 русских князей гаплогруппы N1c1 принадлежат правой ветви, в основном славянской. Важность этого положения объясняется ниже, на схеме субкладов гаплогруппы N

Итак, слева — финны. Базовая шестерка — 10-10, 13-13-14-14. Имена — Korhonen, Pennainen, Mottonen, Hirvonen, Raisanen, Pohjalainen, Nyyssonen, Hakkarainen, Haikonen, Heikkinen, Lehmoinen, Randalainen, Suikkanen, Vihavainen, Kosunen, Vetelainen, Kemilainen, Toivanen, Wayrynen, Komonen, Keskinen, Leppanen, Mikkonen, Kinnunen, Pyykonen, Rahkonen, Parkulain, Kouko, Heikinpoika, Matinpoika, Marponpoika, Fransinpoika и подобные.

Справа — в основном славяне, базовая шестерка — 9-9, 14-14-15-15. Имена — Селиванов, Козлов, Свистунов, Данилович, Архипов, Муковников, Потураев, Ларионов, Шеховцов, Кулешов, Забелин, Назаров, Никитин, Васильев, Матюшонок, Прокопович и так далее. Здесь в основном русские, украинцы, белорусы, поляки. Здесь же латыши — Аузинс, Ласианис, Витавскис; литовцы — Багдонавичус, Семенас, Довыденас, Андреас, Станкевичус, Сабис, Бартайтис, Грусаускас и подобные имена; поляки — Хилинский, Крузиковский, Новак, Орловский, Крупиенский, Буйновский, Клобуковский, Мосжинский, Пиотровский, Рыкацевский, Жуковский и так далее. Это все правая ветвь на дереве. Напомню, что у них всех шестерка аллелей 9-9, 14-14-15-15. Славяне, во всяком случае, по происхождению.

Смотрим на шестерку аллелей в гаплотипах князей-Рюриковичей. Та же шестерка (редко — с одной мутацией, от чего никто не застрахован):

Гагарин — 9-9, 14-15-15-15;
Кропоткин — 9-9, 14-14-15-15;
Хилков — 9-9, 14-14-15-15;
Пузына — 9-9, 14-14-14-14;
Путятин — 9-9, 14-14-15-15;
Вадбольский — 9-9, 14-14-15-15;
Шаховской — 9-9, 14-14-15-15;
Массальский — 9-9, 14-14-15-15;
Ржевский — 9-9, 14-14-15-15;
Лобанов — 9-9, 14-14-15-15;
Корибут — 9-9, 14-14-15-15.

Ну и где там финны? Нет их там. Это — южные балты, славяне. У Гагарина и Пузыны — одноразовые мутации от предкового гаплотипа. У Пузыны одношаговая мутация 14-

14-15-15→14-14-14-14, так называемая палиндромная, или мультикопийная. Совершенно обычное дело.

Теперь мы видим цену вот этого: ««*Генетики согласны, что ДНК Мономашичей скорее указывают на их скандинавское происхождение*». Это — либо ложь, либо элементарная неграмотность.

И это: «*Результаты анализов Шаховского, Гагарина и Лобанова-Ростовского свидетельствуют, что они были скорее скандинавами, чем балтами*». И это ложь. Все три гаплотипа приведены выше, это южно-балтийский, славянский гаплотип. Ничего «скандинавского» в нем нет. Это в каком таком контр-славянском угаре «генетики» отнесли их к скандинавам?

И это: ««*Судя по популяционному распределению их гаплотипа* (то есть князей гаплогруппы N1c1, перечисленных выше. — *А.К.*), *он частенько присутствует на севере Норвегии, в Швеции, Финляндии и Эстонии; и только один случай на многочисленную выборку у поляков, при этом ни одного случая у балтов», — сказал Newsweek завлабораторией генетики Института биологических проблем Севера Борис Малярчук*».

И это ложь. Вот гаплотипы поляков, которые «*только один случай на многочисленную выборку*», по словам «завлабораторией генетики». Из 425 гаплотипов группы N1c1 32 принадлежат полякам (у русских — 77 гаплотипов). Из этих 32 польских гаплотипов у 24 гаплотипов (75%) шестерка именно такая: 9-9, 14-14-15-15, то есть это сугубо славянские, южно-балтийские гаплотипы. Еще у четырех — однократная палиндромная мутация 10-10, 14-14-15-15, гаплотип славянский. Еще три польских гаплотипа — опять славянские, с другой палиндромной мутацией: 9-9, 15-15-15-15. Последний — опять славянский, еще с одной палиндромной мутацией — 9,9, 13-13-15-15, но пара девяток указывает на славянский, южно-балтийский вариант. То есть все 32 польских гаплотипа — славянские.

Слова «*он частенько присутствует... в Финляндии*» — опять или ложь, или безграмотность (в лучшем случае — заблуждение) «заведующего лабораторией». Мы уже в этом убедились.

Посмотрим на норвежские, шведские, эстонские гаплотипы. Среди 425 гаплотипов N1c1 их соответственно 10, 21, 3 гаплотипа, и еще 2 датских. Негусто. Обычно столь малое количество гаплотипов характерно для «туристов», которые еще не успели дать достаточно обильное потомство. И это понятно — носители гаплогруппы N1c1 продвигались с востока на запад, как со стороны финской, так и южно-балтийской. Это в Скандинавии не свои гаплотипы, все — мигранты с востока. Вот имеем — в Дании оба гаплотипа имеют 9-9, 14-14-15-15, то есть южно-балтийские. Оба — идентичные, то есть их общий предок жил в пределах последних двух столетий. Какие уж там Рюриковичи... Три эстонских гаплотипа — опять южно-балтийские, вовсе не финские. У всех трех четверка 14-14-15-15, нехарактерная для финских гаплотипов, но характерная для славянских. Общий предок жил в начале нашей эры, что обычно для N1c1.

Из 10 норвежских гаплотипов четыре — славянские, 9-9, 14-14-15-15, и еще два — продукты одношаговой мутации от них. То есть 60% славянских, южно-балтийских гаплотипов N1c1. Всего один гаплотип — финский, еще два — продукты палиндромных мутаций, которых у Рюриковичей нет.

Наконец, у шведов — треть славянских гаплотипов 9-9, 14-14-15-15; еще девять (в сумме — 16, три четверти от всех) — его мутированные производные; и пять гаплотипов (четверть от всех) — финские, 10-10, 13-13-14-14, которых у Рюриковичей нет. Вот такая цена высказываниям «ДНК-генеалога», историка В. Волкова, что «у Рюриковичей — шведские гаплотипы». Нет «шведских гаплотипов» вообще в природе, это — визитеры со стороны славян и со стороны финнов, но гаплотипов последних у Рюриковичей нет.

Вот так и получаем ответ: Рюриковичи — либо носители гаплогруппы R1a, славяне, либо носители южно-балтийской, славянской ветви гаплогруппы N1c1.

Осталось разобраться еще с одной дезинформацией, опубликованной в русской версии журнала Newsweek: «*Наш поиск по крупнейшей онлайновой базе Ysearch подтвердил его слова: среди найденных там нескольких десятков генетических родственников Рюриковичей 90% заявили, что их дальние предки жили в центре и на севере со-*

*временной Финляндии, а оставшиеся 10% указали Швецию и Британию».*

Откуда взялись эти «несколько десятков генетических родственников»?

С этим оказалось просто. «Крупнейшая онлайновая база генетических родственников Рюриковичей», которую Newsweek постеснялся называть — это известный польский проект Анджея Байора. В нем — 341 гаплотип, из которых 262 — 67-маркерные. Дерево этих 262 гаплотипов приведено ниже.

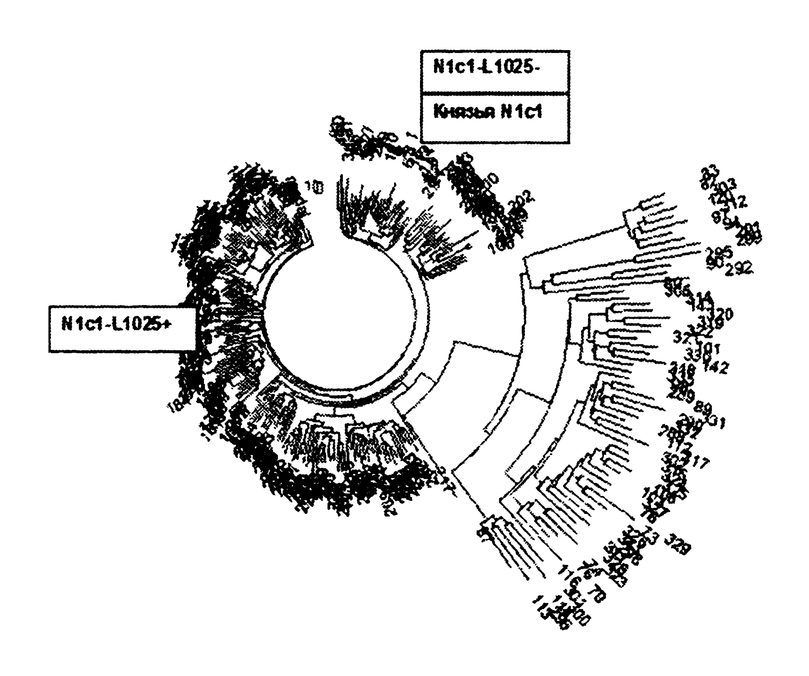
Это дерево, да и весь польский проект Байора нуждается в пояснении. «Родственники Рюриковичей» — здесь все, кто в них решили записаться на основании семейных легенд или вообще без основания, на всякий случай, авось — княжеских кровей. А также гаплотипы тех, кто похожи на этих «родственников», так, тоже на всякий случай. Здесь же и гаплотипы князей, перечисленных выше, и гаплотипы, похожие на них. Дать определение слова «похожие» здесь невозможно, это на самом деле почти все, кто так решил. В общем, суть проекта А. Байора понятна — записать в «родственники Рюриковичей» всех, кто пожелает, и кто похож по гаплотипам на тех, кто пожелает, и пусть будет такая база данных, пусть с явным избытком. А потом когда-нибудь будем разбираться, когда появятся научные возможности.

И вот сейчас эти возможности появились, и что видим? А то, что в польском проекте была составлена полная сборная солянка, она же суп из топора. Только топоров оказалось тоже много. Поскольку А. Байор не знал, кто на самом деле окажутся Рюриковичи, он проявил истинно либеральный подход, как описано выше. В итоге в «Рюриковичи» попали гаплотипы гаплогрупп N1c1, R1a, R1b, G2a, I1, I2, E1b, Q1b. Ясно, что каждый из них исключает другие, но «до кучи сгодится».

И вот журнал Newsweek, не моргнув глазом, берет эту кучу и «на полном серьезе» пишет: *«Наш поиск по крупнейшей онлайновой базе Ysearch подтвердил его слова: среди найденных там нескольких десятков генетических родственников Рюриковичей 90% заявили, что их дальние предки жили в центре и на севере современной Финляндии, а оставшиеся 10% указали Швецию и Британию».*

Эти «генетические родственники» и есть набранные со всего света, как описано выше. Что они заявили, никому не должно быть интересно, пока не доказано, что они Рюриковичи. Что до этого их слушать? Они и составили в основном развесистую клюкву в виде дерева гаплотипов, показанного на рисунке ниже. Никакие это не «генетические родственники» в своем подавляющем большинстве. Журнал Newsweek в этом просто не разбирался. А поскольку русских, украинцев, белорусов из списка просто вычеркнули (а их там немало, как минимум 74 человека из 425, то есть около 20%), а также многочисленных поляков и других славян, то без смеха этот пассаж «*90% заявили, что их дальние предки жили в центре и на севере современной Финляндии, а оставшиеся 10% указали Швецию и Британию*» читать просто нельзя. Вот так русский журнал Newsweek с «консультантами» делает русскую историю. И сало, само собой, русское едят.

Рассмотрим дерево подробнее.



Дерево 67-маркерных гаплотипов 262 человек разных гаплогрупп, занесенных в проект «Рюриковичей» на основании гаплотипов «документальных Рюриковичей», сходства гаплотипов с гаплотипами «документальных Рюриковичей», личных заявлений тех, кто претендует на «Рюриковичей», и тех, у кого гаплотипы сходны с последними. Здесь представлены гаплотипы гаплогрупп N1c1, R1a, R1b, G2a, I1, I2, E1b, Q1b. Гаплотипы 11 князей, описанные выше, занимают маленькую веточку в верхней правой части дерева, с номерами от 1 до 11; уголок прямоугольника с надписью «Князья N1c1» направлен на номер 1, остальные десять гаплотипов группируются вокруг номера 1. Гаплотипы князей гаплогруппы R1a (Оболенский, Волконский, Пентекост-Волконский, Шуйский и другие) группируются в нижней части правой боковой разбросанной ветви. Плотное длинное образование из почти двух сотен гаплотипов вверху и слева — гаплотипы гаплогруппы N1c1; оно, помимо упомянутых князей (отмеченных прямоугольником с надписью), включает самый разношерстный конгломерат ветвей гаплогруппы, включая и того самого Кубарева со своей «командой», на диаметрально противоположной стороне от упомянутых князей. Правая верхняя часть дерева не имеет мутации L1025 (к ним относятся и князья), середина левой стороны дерева имеет мутацию L1025+ (например, Шеховцовы Курско-Орловского происхождения, Чарторицкий, Белоусов; этой мутации вообще пока не замечено в Швеции, Норвегии, Дании, Англии). Объяснение этой и других мутаций приведено ниже на схеме субкладов гаплогруппы N. В частности, мутация L1025+ является дочерней по отношению к L550, Это, естественно, не означает, что «дочерняя» здесь — это потомки русских князей. Это означает, что как князья (наиболее вероятно относящиеся к субкладу L550+, L1025-), так и носители снипа L1025+ являются потомками общего предка субклада L550+. Иначе говоря, N1c1-L550 дал несколько «параллельных» ДНК-генеалогических линий — в одной оказались князья L550+, L1025-, южнобалтийской ветви, в другой — носители L550+, L1025+, восточноевропейской ветви

Переходим к последней части нашего изложения, в которой производятся практически окончательные отнесения гаплотипов русских князей, описанных выше. Для этого нам необходимо разобраться в понятиях «снип» и «субклад». Снип, что есть калька с сокращения SNP (в английском языке это тоже называют snip) — это **практически необратимая мутация** в ДНК, которая в Y-хромосоме потом «автоматически» передается по наследству, переходя из Y-хромосомы ДНК отца в Y-хромосому сына. Последующие снипы дополнительно сопровождают ту же хромосому. В итоге у нас в Y-хромосоме есть миллионы снипов, многие снипы прошли весь эволюционный путь от общего предка человека и шимпанзе, и в настоящее время в изобилии находятся в ДНК как современного человека, так и современного шимпанзе.

Схема ниже показывает, какие дополнительные снипы набежали в Y-хромосоме человека со времени образования (путем соответствующей мутации) снипа M231, который и начал гаплогруппу N примерно 20 тысяч лет назад. Этот снип ознаменовал отделение гаплогруппы N от сводной, более древней гаплогруппы NO (которую образовал снип M214 примерно 45 тысяч лет назад), и так далее вниз по шкале времени.

- **N M231**
  - **N1 LLY22g1**
    - **N1a P189.2**
    - **N1b L732**
    - **N1c L729**
      - **N1c1 M46/Tat, P105**
        - **N1c1a M178, P298**
          - **N1c1a1 L708, L839**
            - **N1c1a1a L392, L1026**
              - **N1c1a1a1 VL29**

• • • • • • • • **N1c1a1a1a L550**

- **N1c1a1a1a1 L1025**
  - **N1c1a1a1a1a L149.2, L551**
  - **N1c1a1a1a1b L591**
  - **N1c1a1a1a1c L1027**
- **N1c1a1a1b L1022**
- **N1c1a1a2a Z1925**
- **N1c1a1a2b L1034**

Все вышестоящие снипы есть в нижестоящих субкладах, но не наоборот. Как видно, эти снипы образуют лесенку, или пирамиду. Так вот, снип L550, выделенный на схеме серым цветом, характерен для славян, имеющих шестерку 9-9, 14-14-15-15, и его имеют почти все, находящиеся в правой, более густой ветви. В этой же ветви находятся почти все из 11 русских князей, кроме тех, у кого произошло по одношаговой мутации, но в тех случаях (Гагарин и Пузына) их гаплотипы находятся в примыкающих ветвях. У финнов в левой удаленной ветви (их там преобладающее количество) снипа L550 нет, и их типичная шестерка 10-10, 13-13-14-14. Это факторы в совокупности подтверждают, что гаплотипы русских князей — не финские, не «норманнские, не скандинавские. Это — южнобалтийские, славянские гаплотипы.

Но у норманнофилов своя «логика». В базе данных (по которой построено дерево гаплотипов) группа русских князей записана как «скандинавские гаплотипы». Почему, откуда? Ответ — а потому что там и скандинавы есть. Но почему не наоборот, может те «скандинавы», напротив, славянского происхождения? Не дают ответа. А у тех скандинавов известная шестерка имеет знакомый нам вид 9-9, 14-14-15-15. Славянская.

Так что прав был академик В.Л. Янин, специалист по археологии и этнографии, в частности (и в особенности) славянского, русского северо-запада, который писал: *«Исходная область славянского заселения Псковского и Новгородского регионов находилась на территории славянской Южной Балтики»*. Речь идет о северных регионах, где и сейчас самая высокая доля носителей гаплогруппы N1c1-L550 в Российской Федерации. Как водится, средства массовой информации и «историки» тут же обрадовано оживились, и стали писать, что эти территории исходно были «финскими», не желая обращать внимание, что в цитате из Янина дважды повторено слово «славянские». Материалы настоящей статьи показывают, что финнов совершенно напрасно пристегивают к истории северного региона РФ. Будем надеяться, что это искажение русской истории будет выправлено пересмотром этих ошибок, причем пересмотр будет проводиться при активном рассмотрении данных и выводов ДНК-генеалогии.

# Глава 15

# ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ ПРОТИВ НОРМАННСКОЙ ТЕОРИИ

## *3. ОТКЛИКИ НА ОТКЛИКИ*

### *Про норманнофилов*

Для начала — что такое «норманизм»? Это — не наука. Это — идеология. Это — определенное «строение мозга». Это — антиславянство, часто на уровне подкорки.

Вот — конкретный пример. Я уже цитировал некоего В. Волкова, зав. отделом музея истории Томска, который выступал в программе П. Лобкова, заявив себя как «генетик» и «ДНК-генеалог», что есть неправда. Так вот, когда Волков объявил, что славян до относительно недавнего времени не было, и П. Лобков ему провокационно-хитренько на это бросил: «Так, значит, идея славянского патриотизма распадается как утренний туман?» — этот Волков обрадованно подтвердил: «Да».

Вот это уже негодяйство. Откровенное. И — на всю страну.

Вот что такое норманизм. Это — идеология. Антирусскость, антиславянство. Устранить ее легальными средствами невозможно, с этим придется жить и дальше.

Вот против этого и направлен фильм М.Н. Задорнова. И на просвещение. Это — единственное средство борьбы с антиславянской, антирусской идеологией.

В одном из откликов было замечено, что норманизм непотопляем. Это верно, непотопляема любая идеология. Вы думаете, тот же Волков убежал и спрятался после моих весьма жестких слов в его адрес? Да ничего подобного. Он опять выплыл, и вполне агрессивно. Обвинил меня, как водится, в том, что я не так показываю данные, и сообщил, что гаплотипы русских князей именно скандинавские, потому что у них в гаплотипах на третьем месте стоит 14, а это — якобы «скан-

динавская цифра», у балтов там 15. Сами гаплотипы приведены в предыдущей части главы.

Я прошу прощения за то, что вхожу в детали, которые мало кому интересны. Но перед нами — психология «норманнофила», которого гони в дверь, так он обратно в окно. Идеология. Дело в том, что эти 14 или 15 в гаплотипах ничего не означают, не там проходит раздел между балтийскими славянами и скандинавами. Одна цифра в гаплотипе ничего не дает, она у отца одна, а у сына уже может измениться. Мутация. И все потомки сына уже в ДНК будут нести не 15 повторов, как у отца, а 14, или наоборот, и это часто на десятки последующих поколений, до очередной мутации. Почти у всех финнов (у 84%, если точнее) действительно на третьем месте стоит 14, а у прибалтийских славян там чаще 15. Но у общего предка русских князей, или у его отца или деда там произошла мутация 15→14, и у всех упомянутых в части 2-й статьи русских князей там 14. Вот и все. Надо систему смотреть, а не выдергивать один фактор. А система и описана в части 2-й статьи.

Не делят эти 14 или 15 на «скандинавов» и «балтов-славян». Так что В. Волков и здесь показал свою профнепригодность. Но он норманнофил, не успокоится. Ему надо непременно показать, себе и другим, что это норманны основали Русское государство, что славяне там вторичны, что нет основы для патриотизма. В этом их, норманнофилов, цель. Это их маяк. И для этой ментальной цели им все средства хороши. Зачем, почему? Да структура мозга такая.

Еще был толковый отклик в дискуссии, на ту же тему. Что, мол, поскольку у другой ветви князей-«Рюриковичей» гаплогруппа R1a, то норманнофилы объявят, что это — скандинавские R1a. С них станет. На это ответил мой коллега, И.Л. Рожанский, ведущий специалист в ДНК-генеалогии: *«Такой «скандинав» группы R1a отсекается на корню. У «Ольговичей» (верховских князей, если быть точным) гаплотипы — из западнославянской ветви, что маркируется снипом L260, Из нескольких тысяч гаплотипов, принадлежащих скандинавам или их потомкам, в этой западнославянской ветви нет ни одного. Зато она вполне обычна для чехов, поляков и лужичан, достигая у последних до 33% от всех гаплотипов. Среди восточных славян она тоже к экзотике не относится — ее имеют около 3% русских и от 3 до 4% белорусов, в зависимости от региона».*

Это верно. Есть «скандинавская» ветвь гаплогруппы R1a (Z284), и они разошлись с ветвью гаплотипов R1a Русской равнины (Z280) более 5 тыс. лет назад; именно в те времена жил их общий предок. Кстати, Том Хэнкс, знаменитый актер, относится к скандинавской ветви R1a. Так вот, у русских князей гаплотипы R1a не скандинавские.

Итак, с гаплотипами и гаплогруппами разобрались, не буду больше приводить понятия, близкие к профессиональным, потому что для многих это выше планки. Перейду к более мирским пояснениям и откликам на отклики в дискуссии по «Рюриковичам». Главное мы выяснили — что они были либо западные славяне гаплогруппы R1a, либо балтийские славяне, гаплогруппы N1c1. Никаких «скандинавов», «датчан», норвежцев», «финнов» там нет и не было. Кстати, понятия «западные славяне» или «восточные славяне» здесь неустойчивы, и легко могут меняться, в зависимости от контекста. Лингвистически это могут быть одни понятия, этнографически другие, исторически третьи. Славяне мигрировали на протяжении тысячелетий, переходя с запада на восток и обратно. Так что эти понятия не стоит абсолютизировать.

Но норманнофилам своя идеология ближе. Они и тащат все «до кучи» — и то, что нашли в древних русских селениях постройки из шестигранных бревен, которые есть и в Скандинавии, и то, что Константин Багрянородный (византийский император, живший в X в.) якобы написал, что днепровские пороги все имели «скандинавские имена», и что послы и купцы древнерусских князей все сплошь имели «скандинавские имена». Я даже рассматривать это не стал бы, потому что это все выдавание желаемого за действительное. Мало ли из каких бревен решил хозяйственный русский мужик построить себе дом, особенно если узнал, что вот из таких, басурманских, дом лучше стоит. Да и потом, я не знаю, может, наоборот, в скандинавских краях позаимствовали русский тип обработки бревен. Или Кижи — тоже скандинавские?

В общем, это все «моменты» привходящие, не принципиальные. Но норманнофилам все годится. А пороги днепровские Багрянородный описал и славянскими именами, первый, кстати, назывался «не спи», а «по-скандинавски» (на самом деле «по-росски») согласно ему это название было «эссупи». Занятно, не так ли? Но у норманнофилов вы это

не прочитаете, там только «скандинавские имена» покажут, хотя и у византийца это были не «скандинавы», повторяю, а «россы». Многие исследователи приходят к тому, что это — два варианта славянских наименований. Другие — что «россы» — это аланские наименования. Именно потому я это не хочу и обсуждать, да и не моя это специальность. По поводу же «скандинавских имен» см. ниже, хотя и это не «материальный признак».

Так вот, заслуга фильма М.Н. Задорного в том, что он бросил камень в это норманнское болото, сплошь заросшее натяжками, откровенным жульничеством, умалчиванием фактов и наблюдений, передергиваниями. А поскольку это болото — идеология, которая часто сознанием не контролируется, это, повторяю, «нутряное», то сразу пошел раскол среди читателей, зрителей и незрителей, которым фильм и смотреть не надо. Уже то, что фильм прославянский, патриотический, напрочь портит норманнофилам и аппетит, и желание фильм смотреть. Именно это бросает археолога Л.С. Клейна, ведущего норманиста страны, к письменному столу для написания статьи про фильм М. Задорнова под названием «Воинствующий дилетантизм на экране». В статье науки нет никакой, только эпитеты и всяческие обзывательства. Это — их, норманистов, стиль. Потому что идеология.

### *О том, что на Украине, в Белоруссии и в России якобы «разные славяне»*

Тот же «ДНК-генеалог» В. Волков из Томска занял время в программе П. Лобкова, рассказывая о том, что «в Белоруссии свои славяне», «на Украине живут другие славяне, ближе к полякам», «генетически различаются очень сильно», а «в России славяне появились вообще недавно, до этого их там не было».

И этот человек именует себя ДНК-генеалогом! Воистину, кто только к новой дисциплине не старается примазаться.

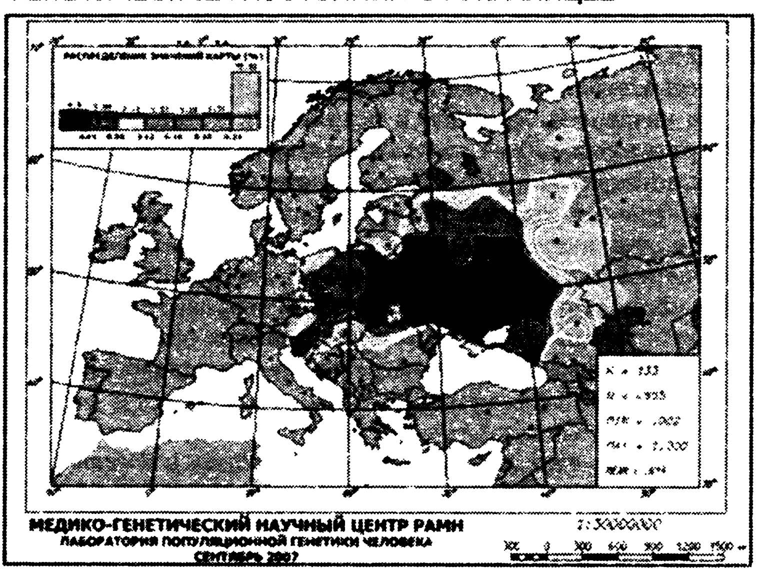
Откуда такие воззрения появились? Да от тех, кто любой ценой хочет показать, что русский, украинский и белорусский народы — разные, что между ними мало общего. Совершенно неудивительно, что эти же люди — норманно-

филы, сторонники «норманнской теории». Вот — пример такого псевдонаучного мусора. Его авторы — сотрудники лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра РАМН. Звучит? Не верьте.

Ниже — их карта (http://www.facebook.com/photo.php?fbid=360191287396843&set=a.132532460162728.34250,100002179257955&type=1&theater).

Y хромосома

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РАССТОЯНИЯ ОТ УКРАИНЦЕВ




Карта «популяционных генетиков» Медико-научного центра РАН, которая показывает, как бездумная формализация в обработке данных приводит к неверным выводам и интерпретациям. На карте смешаны все возможные гаплогруппы и гаплотипы, в виде неких «генетических расстояний» в этой невообразимой смеси, и получен «вывод», что украинцы якобы представляют уникальную популяцию, не имеющую общего с русскими. Это уже вызвало всплеск одобрения в украинских националистических кругах. На самом деле на карте — откровенный псевдонаучный мусор. Объяснения — в тексте

Обратите внимание — «генетические расстояния от украинцев».

И карта показывает, что Украина — это изолированный остров, ничего общего с Россией. В общем, то же самое, что излагал якобы «ДНК-генеалог» В. Волков. Неудивительно, что это тут же подхватили украинские националисты, заголосили про Киевскую Русь как государство, ничего общего с Россией не имеющее.

А то, что на карте — ложь. Или подтасовки, или некомпетентность, не знаю, что в данном случае хуже.

Лаборатория популяционной генетики Академии медицинских наук подобные «работы» постоянно генерирует. Непосвященному человеку трудно понять, что там смешаны все гаплогруппы, а у них у каждой своя картина. Эта «лаборатория» их не разделяет. Короче, такой картинки в научном обороте нет.

И вот почему.

Давайте обратимся к таблице в главе 10 настоящей книги, которую составили мои коллеги и белорусские криминалисты.

Она показывает распределение шести популяций по 13 гаплогруппам и их «дочерним» субкладам (субклад — это тоже гаплогруппа, только дочерняя, следующая ниже в пирамиде). Это — белорусы, русские, поляки, хорваты и литовцы. У всех — разные комбинации процентного содержания этих 13 гаплогрупп.

Ниже приведена дополненная таблица, которую составил мой коллега И.Л. Рожанский, она включает и украинцев, причем не восточных, а львовских, западных:

Содержание первой гаплогруппы (R1a-Z280), которая есть основная евразийская гаплогруппа более-менее одинаково у всех (например, у русских 28%, у белорусов 24%, у украинцев 25%, у поляков 27%, у хорватов 22%, у литовцев 21,5%).

Так что, как видите, если строить по этой ветви, доминирующей, то у русских и украинцев почти одно и то же, 28% и 25%.

Таким образом, основной посыл картинки выше уже пропадает.

Таблица 2. Распределение основных гаплогрупп и ветвей у некоторых восточноевропейских популяций (%)

| Этнос | Русские | Белорусы | Украинцы (Львов) | Поляки | Хорваты | Литовцы |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Всего г/т | 545 | 1086 | 154 | 825 | 1100 | 256 |
| R1a-Z280(xNEA2) | 27,9 | 23,6 | 25,3 | 26,8 | 22,0 | 21,5 |
| R1a-Z92 (NEA2) | 10,8 | 11,8 | ... | 1,7 | ... | 7,2 |
| R1a-M458(xL260) | 6,0 | 12,1 | 9,1 | 9,4 | ... | 5,0 |
| R1a-L260 | 3,2 | 3,3 | 9,1 | 17,2 | ... | 1,4 |
| N1c1 | 14,3 | 10,1 | 1,3 | 5,8 | 0,4 | 46,5 |
| I2a1b | 11,7 | 17,9 | 22,1 | 6,4 | 37,8 | 3,5 |
| I1 | 9,5 | 5,6 | 4,5 | 7,5 | 5,5 | 5,5 |
| R1b1a2 | 4,8 | 5,3 | 7,8 | 12,6 | 7,9 | 3,9 |
| E1b1b1 | 2,9 | 3,8 | 8,4 | 2,7 | 10,7 | 0,8 |
| J2 | 2,9 | 2,3 | 3,2 | 3,6 | 6,2 | 1,6 |
| G2a | 1,8 | 1,4 | 2,6 | 1,3 | 2,7 | 1,2 |
| J1 | 0,9 | 0,7 | 0 | 0,2 | 1,1 | 0 |
| I2a2 | 0,2 | 0,6 | 2,6 | 2,2 | 1,5 | 1,2 |
| Прочие | 2,9 | 1,5 | 3,9 | 2,4 | 4,2 | 0,8 |

Берем следующую, северно-евразийская гаплогруппа (Z92), у русских и белорусов ее примерно одинаково (11% и 12%, у украинцев не определяли), но у поляков по понятным причинам сброс до 1,7%. Естественно, эти вариации есть у всех народов. Дает это основания говорить об «индивидуальности генофонда»? Да, в какой-то степени, но надо говорить, что по доминирующим показателям — практически одинаково, по примесям — разнятся. Но, согласитесь, что это уже не звучит «выигрышно», «сенсационно», а тем попгенетикам нужно именно последнее. Вот и имеем, по сути, псевдонаучный мусор.

Если сложить все составляющие гаплогруппы R1a, то получим, что ее у украинцев В СРЕДНЕМ 44%, у русских 48%, у белорусов 51%, у поляков 55%. Индивидуальность? Да, в какой-то степени. Но зачем так вообще ставить вопрос? Видно же, что в главном практически одинаково, но есть локальные вариации. Откуда они берутся, где недостающие проценты? Следующая строка показывает — гаплогруппа N1c1, это южные балты, которых по недоразумению называют угро-финнами. Дело в том, что у финнов тоже N1c1, но гаплотипы другие, и легко отделяются (субклад другой). Южные балты (Новгород, Псков, Архангельск) разошлись с будущими финнами еще в прошлой эре, или в начале этой эры, и дали свои ДНК-генеалогические линии. Это — славяне. Так вот, этой южно-балтийской N1c1 у русских 14,3%, у белорусов 10,1%, у украинцев 1,3%. Кто бы сомневался, что различия будут?

Вот и выплывает, откуда эта сенсационная «индивидуальность» украинцев. У них почти нет южных балтов. А вот и еще подтверждения этой тенденции — у хорватов этих южных балтов 0,4%, а у литовцев — в сто раз больше, 46,5%. Вызывает удивление? Совершенно нет.

Поэтому так и надо написать — между украинцами и русскими в большинстве различий нет, кроме того, что у первых почти нет южных балтов N1c1 (что понятно), повышенное содержание I2a1b (это юго-восточнославянская гаплогруппа, которой особенно много на Балканах) — 25% против 12% у русских, меньше I1 (это общеевропейская гаплогруппа), 4,5% против 9,5% у русских, немного больше R1b (в данном контексте — европейская гаплогруппа), 7,8% против 4,8% у русских.

Различия? Естественно, а как же по-другому? Между Тверью и Рязанью тоже есть различия.

А если двигаться на запад от Украины, картина начинает значительно меняться, в первую очередь за счет падения содержания гаплогруппы R1a и увеличения R1b. Вот и получается — от запада Украина отличается основными гаплогруппами, от востока (России) — минорными. Вот это и есть «индивидуальность».

Да, о «близости украинцев к полякам». Как видно, никакой особой близости преобладающей гаплогруппы R1a украинцев (44%) к полякам (55%) не видим, поскольку у белорусов — 51%, у русских — 48%. Но это общий срез, а он зависит

от регионов. Например, по четырем основным регионам Белоруссии доля R1a варьируется от 47% до 53%. И там везде, по всем цифрам такие же плюс-минус 2%—4%, так что по всем четырем странам доля R1a в среднем одинаковая. В России, правда, в южных регионах доля R1a достигает 63%, а в северных падает до 40%, за счет большого вклада южных балтов (гаплогруппа N1c1). Но, как видим, славяне этого большого рода во всех перечисленных странах представлены примерно одинаково. Времена жизни их общих предков тоже примерно одинаковы, это около 5 тыс. лет назад.

Примерно половина от всех R1a приходится на так называемую центрально-евразийскую подгруппу (субклад R1a-Z280). Ее у русских в среднем 28%, у украинцев 25%, у белорусов по регионам от 23 до 27%, у поляков 27%. Тоже что-то не видно, чтобы украинцы к полякам тяготели по центрально-евразийской группе. Тоже у всех практически одинаково.

Хорошо, посмотрим на второй по численности род, гаплогруппа I. Поскольку их почти вдвое меньше, то разброс по регионам больше. У русских этого рода 21%, у украинцев 29%, у белорусов по регионам от 15% до 29%, у поляков 16%. Опять украинцы к полякам не тяготеют, вовсе наоборот, максимально различаются.

На третьем месте — южно-балтийский род N1c1. У русских в среднем там 14%, у украинцев по совершенно понятным причинам их меньше всего, только 1%, у белорусов 10% (а по регионам от 7% до 15%), у поляков 6%. Видим понятный градиент от Восточной Балтики на юг и юго-запад — от русских к полякам, до белорусов, и до украинцев. А, например, у хорватов этой гаплогруппы вообще 0,4%, у литовцев, наоборот, 47% N1c1, в сто раз больше. Совершенно разумное географическое распределение, опять не близки украинцы полякам.

Так что и здесь «ДНК-генеалог» Волков маху дал. Или умышленно подтасовал. Славяне России, Украины, Белоруссии, Польши образуют единое поле, во всяком случае, по происхождению. Как этносы они имеют свои особенности, одни в основном православные, другие — католики, есть и другие национальные особенности, но все они появились относительно недавно. А рода — древние.

А что делают попгенетики? Это все смешивают, играют на минорных разностях, увеличивают их на крупной шкале, и подают как «различия». А общий читатель уже подхваты-

вает про индивидуальность, про ее причину, потому что «Украина — преемник Киевской Руси» (именно так в дискуссиях), и пошло-поехало.

Если начнем рассматривать по самой Украине — то пойдет «индивидуальность» уже по северу против юга, западной части против восточной, и так далее. И вся Украина распадется на много «индивидуальностей». Вот так и работают популяционные генетики, история их в целом не интересует. А мы выстраиваем вертикаль во времени, и показываем, откуда эти различия берутся в исторической перспективе. Есть разница?

Я мог бы привести и таблицу по разным районам Белоруссии, там тоже везде «индивидуальности». Вариации по гаплогруппам и субкладам такие: от 13,6% до 20,2%, от 9,6% до 13,1%, от 3,3% до 9,7%, от 1,6% до 4,5%, от 7,9% до 23,2% (!), от 3,7% до 9,8%, от 1,1% до 4,1%, и так далее. И это в пределах одной Белоруссии. Такую «индивидуальность» можно навести, что будь здоров. Только это все, по сути, фикция, а не «индивидуальность». В химии, например, по примесям не сопоставляют, причина примесей может быть самая разная. Важны основные компоненты, но если важен минорный (бывают такие варианты), то этим специально занимаются. Например, в чем причина повышенной доли R1b в Украине? Но этими вопросами те попгенетики не занимаются. Им надо крикнуть, да посильнее, авось их заметят.

Вот и получаются такие карты. Там все выражено в неких «генетических расстояниях», смысл которых не расшифрован. А смысла там на самом деле нет. Это усредняются ВСЕ мутации во ВСЕХ гаплотипах во ВСЕХ гаплогруппах, что смысла вообще не имеет. И на них идет «работа». И на этом они получают гранты. Вот это — уму непостижимо.

### *Про себя*

Перейду к своей скромной персоне. Ряд комментариев был — что это, он, мол, за славян борется, а сам в Америку уехал. Как-то не сходится.

Не хотел я этой темы касаться, но придется. В США меня уехать фактически вынудили. Выдавили. До этого я девять лет

был невыездной, то есть за границу вообще выехать не мог. Так что у каждого своя история. А началось с того, что меня в середине 1970-х направили в США, в Гарвардский университет работать на год. Так получилось, что я первым на нашем курсе из 300 человек на химическом факультете МГУ защитил кандидатскую диссертацию, и это было формальным основанием для рекомендации на годичную работу в США, которую подписал академик Н.Н. Семенов. За 1974—1975 гг. нас таких в США со всего Союза было 48 человек. После моего возвращения в СССР и рассказов про США, где-то наверху было принято решение, что я антисоветчик (хотя антисоветчиком я никогда не был, то есть никакой открытой антисоветской деятельности не вел, кроме честных и правдивых рассказов о том, что сам в США видел), и я сел в «прочный невыезд». Это не помешало мне в 30 лет стать доктором наук и профессором, лауреатом премии Ленинского комсомола, а затем и лауреатом Государственной премии СССР по науке и технике, так и оставаясь — по каким-то тайным доносным материалам — «антисоветчиком». Там у них правая рука не знала, что делает левая. Потом меня избрали директором Института биохимии АН СССР, была такая пора во времена «перестройки», когда выбирали коллективом института, но как же «антисоветчик» может быть директором академического института? Поэтому АН СССР меня не утвердила в этой должности. Стало ясно, что я попал в тупик, достиг потолка. А тем временем из Гарварда шли приглашение за приглашением стать там профессором биохимии. Ну, кто бросит в меня камень? Короче, мне разрешили туда поехать на два года. А там и Союз развалился. Так что формально я никуда не эмигрировал. Так и продолжаю работать. Я — гражданин и России, и США. Паспорта тоже два. По российским и американским законам это можно.

А директором Института биохимии Российской Академии наук уже давно стал мой бывший студент, чему я весьма доволен. Который, кстати, был одним из организаторов кампании по моим выборам директором Института в те времена. Так что развитие действительно идет по спирали, как диалектики и утверждали.

К этому же — поскольку норманнофилы не унимаются, для них любые средства хороши, кроме научных, то в комментариях к моим статьям про фильм пошло, что я вовсе не

профессор, а «всего лишь лектор в Гарварде». Ну, это тоже, между нами говоря, было бы неплохо для многих, только про «лишь лектора» — опять неправда. Не буду на это тратить время, да и не всем это интересно, поэтому отошлю к моей книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (Издательство Московского Университета, 2010). Там про это немало написано — и про профессора, и про лекции, и про то, как я по путевке из Гарварда летал в Южную Америку алкоголиков лечить, с помощью нового лекарства, и как был одним из организаторов Нобелевского симпозиума в Стокгольме, и многое другое, на более чем пятистах страницах.

### *Про историческую память*

В откликах на мои статьи про фильм М.Н. Задорнова был задан вопрос — «почему индусы сохранили эпосы, а славяне их утратили?», поскольку арии продвигались по Русской равнине, и события, описанные в индийском эпосе, порой перекликаются с тем, что должно было происходить на Русской равнине.

Это — хороший вопрос, но он же и болезненный. Славяне многое в своей памяти утратили, и исторические причины к этому непременно были. Да что за примером далеко ходить? Многие ли русские (я уже не говорю — «россияне») знают, помнят, кто были дети боярские? Только ответы, что это были те, у кого папа был боярин, не принимаются. Дети боярские — это было сословие на Руси, потомственный военно-боевой состав. Раньше так и писали, одной фразой-блоком — «дворяне и дети боярские». Тысячи и тысячи дворян и детей боярских сложили свои головы при защите Родины, особенно на юге России — там, где сейчас области Курская, Белгородская, Орловская, и особенно в XVI—XVII вв. Там и крестьян не было, были только фактически военные гарнизоны, для обороны от татар, поляков, литовцев, куда, в эти гарнизоны, входили и города. Земля за службу у детей боярских была, и много, а вот крестьян не было. Сами на земле своей работали, пчел разводили, рыбу ловили, породы лошадей создавали. Не хотели туда крестьяне ехать, смерть там была. Угоны в неволю татарами. А дети боярские там жили,

сражались, погибали за землю Русскую. Их кровью земля там обильно полита.

А вот наступил 1917 год и последующие события, и отшибло память у населения России. Почти никто нынче и не знает о детях боярских. Даже военнослужащие, я по многим проверял. Когда рассказываю, начинают стыдиться, мы, говорят, не виноваты. Жизнь такая. Нам не рассказывали.

Я-то знаю, мои предки — дети боярские, по архивам выявлены начиная с 1570-х годов. 14 поколений вглубь, все в основном кавалерия. Военно-боевой состав. И, почитая их память, я о них написал документальную историю, выявленную по архивам — и областным, и центральным военным. История — в той же книге «Интернет», процитированной выше.

Так о чем я? А о том, что если им сказали бы, что через 400 лет их потомки начнут рассказывать байки, что их Родину шведы основали и прочие норманны, как бы они отреагировали? Да зарубили бы, наверное. Или на всем скаку, или, скорее, презрительно спешившись. Опечалились бы они за таких потомков.

Вот это и должно быть одним из критериев нашей деятельности — а не стыдно ли было бы за нас предкам, узнай они, что мы сейчас говорим и делаем по тому, за что они кровь проливали.

И это не пафос, а серьезно.

### *Про Африку*

Были несколько комментариев, что я сам себе противоречу: в 2008 году писал, что современное человечество вышло из Африки, а сейчас пишу, что оно из Африки не вышло.

На это могу только сказать — добро пожаловать в науку. 2008 год — это было 5 лет назад. За это время в науку вошло изучение генома человека. Да и 5 лет назад я не изучал происхождение человека, просто принял то, что сообщала академическая наука. А сообщала она об этом уже 15 лет как минимум, что, мол, современный человек из Африки вышел, и потому африканская гаплогруппа носит индекс А.

Теперь могу покаяться — в который раз принял утверждения «официальной науки», она же наука «академическая», за правду. И ведь опыт уже немалый накопил — дове-

ряй, но проверяй. Да и как-то логично выглядело... Но меня, человека в науке бывалого, не оставлял некий дискомфорт — ведь САМ не проверил, а вот пишу. Нельзя так.

И я проверил, по самым современным данным, часть из которых сам получил, сам и с коллегами. Чтобы проверить. И — батюшки светы — не выходил «анатомически современный человек» из Африки. Нет в нас африканских мутаций, о чем я писал в первой части этой статьи. От шимпанзе есть, а от африканцев нет. Мутации от шимпанзе (точнее, от общего предка нас и шимпанзе) есть и в нас, и в неандертальцах, и в африканцах. А вот от африканцев — нет. Так что они не наши предки, во всяком случае, по мужской линии. Об этом у меня (с коллегами) — несколько статей в международных журналах (Klyosov and Rozhanskii, 2012a; Klyosov et al, 2012), и эти статьи имеют рекордные скачивания, многими тысячами, что для академических статей дело не слишком обычное.

Генетики огорчаются — ведь это так политкорректно, что мы от африканцев произошли. Вроде как реабилитация, что мы, белые люди, их так эксплуатировали, в рабство продавали, колониализм им устраивали, и теперь так приятно сказать — чернокожие африканцы, родители вы наши, папа с мамой, дед с бабкой, простите нас, мы теперь ваши непутевые дети. И вот такую приятность я у этих лицемерных либералов из-под ног выбиваю.

К этому был вопрос в откликах на статьи: «От кого пошел род людской, и соотносится ли эта примерная дата с датой сотворения мира?»

Я примерно на этот вопрос и ответил в предыдущих двух статьях — общие мутации у современного человека и современного шимпанзе во многом одни и те же, что говорит об общем предке человека и шимпанзе, по расчетам примерно 6 млн. лет назад. Но и этот примат, общий предок, не был первым, дальше цепочка «от кого пошел род людской» тянется и к горилле, и к макаке, что почему-то многих нервирует и огорчает. Это, конечно, не «род людской», а его глубокие биологические, наследственные корни.

А от того общего предка будущего человека и будущего шимпанзе за миллионы лет прошла целая череда наших предков, ясности с которыми в науке нет. Поэтому «хромосомный Адам» остается просто фигурой речи, и особо-

го практического смысла не имеет. Возможно, когда-нибудь смысл и будет найден, но не сейчас. Например, совсем недавно нашли еще одну предковую линию, африканскую, которая к другим ДНК-линиям вообще и близко не стоит, в том числе и к другим африканцам. То есть природа активно экспериментировала, особенно на африканцах, но в итоге человек вышел не из Африки, там эксперименты природы тем временем продолжались, до относительно недавнего времени. Откуда, из какого конкретно региона вышел «анатомически современный человек» наука пока не знает. Но уже знает, что общий предок современных европеоидов появился примерно 60 тыс. лет назад. Причем как-то сразу, как будто выжившие после какого-то катаклизма. То ли какого-то крупного извержения вулкана, то ли потопа, то ли еще чего. А потом опять разрыв в наших знаниях на 15 тыс. лет, и затем пошли те, кого мы уже знаем — 45 тыс. лет назад в Европе, на Русской равнине (Костенки), в Южной Сибири, и все почти одновременно, на таких больших расстояниях. Ясно, что у них всех должен быть общий предок, возможно, тот самый, 60 тысяч лет назад. Но для науки это пока белое пятно.

Никакого «креационизма» здесь нет, как нет и сотворения мира. Эти понятия — за гранью науки.

### *Комментарии и признание Л.С. Клейна*

А тут и Л.С. Клейн, «фельдмаршал норманистов», как он сам с удовольствием повторяет (хотя, кокетничая, говорит, что эти титулы не принимает), встрял: его (то есть меня) «солидные исследователи не цитируют». Вот те, что упомянуты выше — и есть те самые «солидные исследователи», что про Африку придумали. Представители «официальной науки». Зачем им меня цитировать? Меня и Л.С. Клейн не цитирует, зачем ему? Хотя и он занимается ариями, и я ими занимаюсь. Так что брякнуть можно, что он и сделал, но там дела более тонкие. На самом деле меня цитируют, но не Клейн и ему подобные. Из-за чего я совершенно не огорчаюсь. Меня другие цитируют.

Кстати о Л.С. Клейне и о цитировании. В первой части статьи я написал: *«Не избежал этой клюквы — к моему удивлению — и историк Л.С. Клейн... тоже объявил в сети, что*

*я «считаю себя специалистом по ДНК-генеалогии», но на меня не ссылаются. Я еще понимаю, когда это говорят те, кто вообще не очень понимают, что такое «ссылаются», но уж Клейн мог бы взять индекс цитируемости и посмотреть сам ссылки на мою фамилию. Среди нескольких тысяч ссылок на мои работы больше сотни ссылок — на статьи по ДНК-генеалогии, из них две статьи — среди наиболее цитируемых, входящих в основной список Хирша (H-Index), если это Клейну о чем-то говорит. Одна — в одном из самых ведущих академических журналов мира по генетике (Human Genetics). Не так плохо, учитывая, что по ДНК-генеалогии я начал публиковаться в международных журналах только с конца 2009 года, а для цитирований другими изданиями нужно время. Стоило бы Л. Клейну на это взглянуть, чтобы хотя бы не позориться. Он там что-то еще ввернул про «палеогенетику», которая в данном вопросе про Рюрика вообще не при чем. Видимо, образованность свою хотел показать.*

Л.С. Клейн это прочитал, и на своем сайте ответил:

*«12.01.2013 в 21:57*

*А. Клёсов прав. Мне бы надо было формулировать точнее. На его измерения и обобщения ссылки, конечно, есть. А вот на его выводы о славянах-ариях солидные исследователи не ссылаются или ссылаются исключительно негативно. Ну, не приемлют его концепцию всерьез, и, я думаю, что время тут не поможет».*

С одной стороны, такое признание, что он был неправ, делает честь Льву Самуиловичу. Но с другой стороны, он продолжает искажать, просто слово «лгать» не хочется употреблять. А это чести ему не делает. Нигде и никогда я не писал о «славянах-ариях». Как не писал и о «русах-ариях». Праславян с ариями связывал, и давал этому обоснование. Самое простое обоснование — что и те и другие (говоря о восточных славянах) имеют одну и ту же гаплогруппу, R1a, у них был общий предок. Жили арии и в Восточной Европе, и на Русской равнине, где и сейчас среди славян (и не только среди них) живут прямые потомки ариев по мужской линии. И почему же тогда те арии, которые были предками нынешних славян, не праславяне?

Любое рассуждение проводятся в определенном контексте. Когда я писал, что современные славяне (и не толь-

ко славяне, а и таджики, и киргизы, и индусы, и многие другие) — потомки ариев, то контекст был совершенно определенный, никакого нарушения научной логики там не было. Писал бы про индийцев — написал бы, что современные индусы — потомки ариев, и тоже нарушения бы не было. Нормальный ученый в первую очередь должен понимать контекст, и солидаризироваться с коллегой в рамках контекста. Если тупо все оспаривать, комплексуя в отношении своего эго, или «корпоративных интересов», никакого толку из таких дискуссий не получится.

Л.С. Клейн ответил: «Мне жаль, что замечательный естествоиспытатель А.А. Клёсов отказывается понимать эти простые вещи. С естествоиспытателями, вторгшимися в социокультурные науки, это бывает. А гаплогруппы (не только Y-хромосомные, но и митохондриальные), конечно, помогут проследить передвижения древнего населения и его генетические связи, но надо быть очень осторожным в перенесении современных лингвистических и этнических классификаций на глубокую древность».

Ясно, что «надо быть осторожными», это — дежурный бюрократический ответ. Короче, мой ответ на сайте Л.С. Клейна: «У меня пару лет назад была переписка с Л.С. Клейном объемом в полсотни писем, весьма объемных. Это переписка вся опубликована, заняла почти целый журнал. Так что ничего нового от Л.С. Клейна я не услышу. Он принципиально не воспринимает предмет и результаты ДНК-генеалогии, и его это не интересует. Он — весь в старых парадигмах. Поэтому для меня дискуссия с ним не интересна. Я ему предлагал разгадки его же вопросов, например, почему корни у многих археологических культур расходятся в разные стороны, но его и это не заинтересовало (к моему изумлению). У него срабатывает какая-то защитная система, мне чуждая. Типа шаг в сторону — побег. Поэтому он этого шага не делает. Это — трагедия для ученого.

Я как археолога Л.С. Клейна уважаю, но как археолога старой формации. Новые направления науки уже им не воспринимаются. И это тоже трагедия для ученого. Таких примеров в науке много.

То, что он «фельдмаршал норманизма» — это не наука. Это идеология в чистом виде. Это — устройство мозга. Это —

одностороннее восприятие истории и действительности, это некий тип манипуляции в угоду внутренней идеологии.

Очень жаль, что Л.С. Клейн оставляет после себя такое «наследство». А ведь мог бы быть крупным историком для благодарного народа. А с норманизмом — никаких шансов».

Я не знаю, что двигает Л.С. Клейном, когда он глух к собеседнику, и исключительно эгоцентричен в своих высказываниях. То ли эго, то ли корпоративные интересы, то ли ревность — не знаю. Но в любом случае это нехорошо.

Поехали дальше. Но к Л. Клейну мы еще вернемся в главе 15.

### *Оболванивание слушателей и опять развесистая клюква*

Подключились и видео-активисты. Один из них — некто «Святорус», который решил «разгромить» ДНК-генеалогию. Что меня привлекло — это комментарии, что «это даже не критика, это — разгром». Занятно. Послушал. Оказалось, что это некий косноязычный ведущий, у которого несколько сотен слушателей, но даже несколько сотен оболваненных — это тоже плохо. Так что он «громит»?

Первое — опять навязшее в зубах положение, что и у киргизов и арабов есть гаплогруппа R1a, а значит, это не «славянская гаплогруппа». Да ради Бога. Естественно, не славянская. И у ирландцев есть, и у французов есть, и у евреев есть. И у алтайцев есть, говорящих на языках тюркской группы. Понятно, что не славянская. Надо же понимать, о чем речь. Нет у меня в научных статьях нигде, что R1a — это «славянская гаплогруппа». Но у славян ее больше всех в мире — это у русских, поляков, чехов, словаков, украинцев, белорусов, сербов... В этом смысле в легком разговоре вполне можно сказать, что это — славянская гаплогруппа. Потому что у всех остальных — ее единицы процентов, и все, как правило, с Русской равнины. Но не надо абсолютизировать. Мы говорим — американские горки, а в Америке они — русские. И таких примеров сколько угодно. И турецкий кофе не обязательно турецкий, и «французская болезнь» не обязательно французская, как и французский поцелуй. Есть же любители

ломиться в открытую дверь. Для них не суть важна, а желание оспорить, что угодно, лишь бы оспорить. А суть остается за бортом.

Дальше — больше. Этот «Святорус» решил оспорить, что наши предки на Русской равнине живут уже около 5 тыс. лет назад. Его не интересует, КАК это было получено, его интересует оспорить. Вот такая патология. И как он оспаривает? Он выдвигает положение, что у наших предков было так много детей, что выживало не менее трех сыновей на семью на поколение. И отсюда он получает, что не могли наши предки жить 5 тыс. лет назад, поскольку в таком случае уже через 18 поколений потомков должно быть 150 миллионов, а 18 поколений — это всего 600 лет, по расчетам ведущего, поскольку он взял 33 года на поколение. Иначе говоря, по арифметике «Святоруса», за 5 тыс. лет потомки должны заполнить весь мир. А значит, наши предки не могли жить 5000 лет назад.

Слушаешь такое, и жаль не только свое время, а и тех несколько сотен человек, его слушателей. За что их так? Что они плохого этому «Святорусу» сделали?

Да кто же так считает? Что, получается, 5 тыс. лет назад на Земле вообще никого не было? А человечество насчитывает как минимум 50 тыс. лет, и это только в Европе. Сколько же тогда от них потомков должно быть? Триллионы и квадриллионы человек, а то и гуглы (единица со ста нулями)?

На самом деле коэффициент репродукции человечества и его популяций не равен трем, а только чуть-чуть отличается от единицы. Даже при коэффициенте репродукции 1,1 количество потомков через 5 тыс. лет составит примерно 200 млн. человек.

И вот этот человек вещает на его слушателей... С такими познаниями...

Далее, «Святорус» излагает свои возражения против того, что у людей был общий предок, который жил примерно 65 тыс. лет назад. Это — у европеоидов и азиатов. У европейцев — примерно 60 тыс. лет назад. Он не может понять, что общий предок — это у нынешних людей. Он начинает рассказывать байки, что в Сибири находят людей, которые жили 100 тысяч лет назад, и которые были вполне сформированные люди. Во-первых, где он такое взял — остается загадкой. Не находили таких людей, Homo sapiens, чтобы жили

100 тыс. лет назад, и в Сибири. Находили других гоминидов, типа «пекинского человека», по оценкам 300 тыс. лет назад, но они не были предками современных людей. Потомства среди современных людей они не оставили. Мало ли где кого находили, кто не оставил потомства. Речь-то о предках СОВРЕМЕННЫХ людей.

Ну и дальше у этого «Святоруса» — сплошные недоразумения. Не хочет он ничего понять. Путает гаплогруппы и этнос, расы и гаплотипы. Рассуждения совершенно неквалифицированные. И обычный хор подпевал: «Это разгром!».

Зачем я об этом пишу? Зачем нам этот «Святорус»? Да затем, что я сейчас занимаюсь просветительской деятельностью, я рассказываю о том, что людей интересует, иначе у этого невежи не было бы сотен слушателей. Значит, есть вакуум информации. Значит, есть спрос на то, чтобы его заполнять.

### *О неандертальцах и кроманьонцах*

Были вопросы о неандертальцах и кроманьонцах. Вопросы о кроманьонцах были вызваны моим ответом на замечание А. Севастьянова, что мы все якобы произошли от кроманьонца. Если развернуть мой ответ, то кроманьонцы — это ранние представители анатомически современного человека в Европе, которые жили там — по оценкам — от 40 тыс. лет назад и позже. Представители — это не значит, что не было других предков современного человека. Мы знаем, что общий предок современных людей, ныне живущих в Европе и Азии, жил примерно 65 тыс. лет назад, но не знаем, где он жил. Как видно, его от кроманьонца отделяет примерно 25 тыс. лет. Вполне возможно, что кроманьонец является одной из линий потомков этого общего предка, причем линией европейской. Одной из линий, но не единственной. Как вариант, кроманьонец имел гаплогруппу I, или сводную гаплогруппу IJ. Но если так, то он не был предком большей части современных этнических русских, которые произошли от гаплогруппы P, которой тоже не менее 40 тыс. лет от роду. Иначе говоря, кроманьонец, по всей вероятности, произошел от того же общего предка, что и большая часть этнических русских, как опять те два зуба у вилки, о чем я писал выше. Но

мы от него напрямую не произошли. Науке это точно не известно, и когда из нескольких скелетных остатков кроманьонцев извлекут ДНК и проанализируют, то картина прояснится. Или еще более усложнится, если эти кроманьонцы окажутся из разных ДНК-генеалогических родов.

В общем, здесь много неизвестного, и пишу это я для того, чтобы показать, что современной науке еще очень многое неизвестно в вопросах происхождения человека. Вот так махнуть, что все мы произошли от кроманьонца — это не знать современного состояния науки. То есть в легкой, необязательной беседе так сказать, наверное, можно, ответственности все равно никакой, но не в дискуссии, в виде замечаний по конкретному предмету, в совершенно другом контексте, а именно о древности рода.

Неандертальцы — это, так сказать, племянники современного человека. Это — отдельная ветвь, отошедшая от эволюционной ветви человека примерно 300—600 тыс. лет назад, по разным данным. Наука это тоже представляет весьма приблизительно, концептуально, так сказать. Пару лет назад была сделана принципиально новая работа, в ходе которой был в значительной степени расшифрован геном неандертальца, то есть строение его ДНК. Ясно, что не всех, а одного неандертальца, причем самки, но это в любом случае был прорыв. Правда, он дал больше вопросов, чем ответов, но это была новая веха в науке.

Как часто бывает, исследователи не избежали соблазна «срезать углы» и кинуться в сенсационность: слаб человек, в том числе и ученый, которому нужны гранты и прочие средства на исследования, причем для таких исследований нужны многие миллионы долларов. Вот и торопятся ученые, хватают непроверенные данные и бросают в широкую прессу. Что, мол, есть в нас часть неандертальского генома, мы отчасти потомки неандертальцев. Даже оценили, что в нас от неандертальца от 1% до 4%, но умолчали, что это с погрешностью не менее плюс-минус 5%, а то и 10%. Пресса, естественно, эту сенсацию подхватила. С тех пор вышло уже немало статей, отвергающих наличие в нас генома неандертальцев, но и много статей, в которых эти 1—4% цитированы и перецитированы, и в которых про погрешности ни слова. И вот такой кавардак — это тоже часть современной науки. Наука в таких дисциплинах, склонных к сенсационности, обычно не бывает «чистой».

Это все перекликается с «наукой» про норманнскую «теорию». Не верьте, что там беспристрастная наука. Ее делают те же люди, которые страдают теми же недостатками, как и все. Все, кто интересуются русской историей, видели вот такие цитаты (с пометкой — «Лаврентьевская летопись»):

«Мы от рода рускаго..., Иворъ, Вуефастъ, Каницаръ, Сфанъдръ, Фудри Туадовъ, Олебъ, Фрутанъ, Роалдъ, Гунастръ, Фрастенъ, Игелъдъ, Туръбернъ, Руалдъ, послании от Игоря, великого князя рускаго, и от всякоя княжья и от всехъ людий Руския земля».

И тут же те, кто такое цитирует (норманнофилы, естественно) объявляют, что вот это является доказательством норманнской теории происхождения русской государственности.

А там на самом деле несколько по-другому написано, цитата-то усечена: «Мы от рода рускаго *съли и гостье* (послы и купцы. — *А.К.*), Иворъ, солъ Игоревъ, великаго князя рускаго, и объчии сли: Вуефастъ Святославль, сына Игорева; Искусеви Ольги княгини; Слуды Игоревъ, нети Игоревъ; Улебъ Володиславль; Каницаръ Передъславинъ; Шихъбернъ Сфанъдръ, жены Улебле; Прасьтенъ Туръдуви; Либиаръ Фастовъ; Гримъ Сфирьковъ; Прастенъ Акунъ, нети Игоревъ; Кары Тудковъ; Каршевъ Туръдовъ; Егри Евлисковъ; Воистъ Воиковъ; Истръ Аминодовъ; Прастенъ Берновъ; Явтягъ Гунаревъ; Шибридъ Алданъ; Колъ Клековъ; Стегги Етоновъ; Сфирка...; Алвадъ Гудовъ; Фудри Туадовъ; Мутуръ Утинъ; купець: Адунь, Адулбъ, Иггивладъ, Олебъ, Фрутанъ, Гомолъ, Куци, Емигъ, Туръбидъ, Фуръстенъ, Бруны, Роалдъ, Гунастръ, Фрастенъ, Игелъдъ, Туръбернъ, Моны, Руалдъ, Свень, Стиръ, Алданъ, Тилен, Апубьксарь, Вузлевъ, Синко, Боричь, послании от Игоря, великого князя рускаго, и от всякоя княжья и от всехъ людий Руския земля».

Как видно, там целый калейдоскоп этимологии имен — и славянские, и тюркские, и балтийские. Но норманнофилы эти цитаты препарируют и обрубленные выдают за действительные. Казалось бы, зачем это им нужно? А так, идеология такая. Точнее, патология. Болезнь, проще говоря.

А на самом деле — что эти имена означают? Например, сейчас бы это звучало так: «Мы, купцы русские, Усманов, Алекперов, Фридман, Вексельберг, Михельсон, Хачатуров, Дерипаска, Хан, Махмудов, Гуцериев, Керимов, Авен, Скоч, Илиев, Нисанов, Березовский, Абрамович, Ходорковский, Миллер, Прохоров...»

И что, это было бы свидетельством, что они основатели земли Русской?

Нет, просто купцы.

### *ДНК-генеалогия против «норманнской теории» неславянского происхождения княжеско-дружинной верхушки Древнерусского государства*

Если совсем кратко, то «норманнская теория» сводится к тому, что княжеско-дружинная верхушка Древнерусского государства была скандинавской. В терминах ДНК-генеалогии это означало бы относительно массовый приток скандинавских гаплогрупп на Русскую равнину. Естественно, степень «массовости» в те времена нам неизвестна, но можно полагать, что их потомки были бы довольно массовыми. Вряд ли аргументацию можно строить на числе этих гаплотипов, иначе мы увязнем в соображениях разного рода — какие это должны быть гаплогруппы, например, I1 или N1c, поскольку и тех и других среди этнических русских довольно много, примерно 6,5% и 14%, соответственно (см. предыдущие главы), и это вовсе не означает потомков скандинавской дружинно-княжеской верхушки, если таковые вообще были. Общие предки этих гаплотипов жили 3650±800 и 3525±400 лет назад, соответственно, что тоже открывает практически бесконечные возможности для интерпретаций.

Короче, это не путь в данной ситуации. Мы подойдем к решению данного вопроса с другого конца — а есть ли свидетельства миграции на Русскую равнину своих, «славянских» гаплотипов, гаплогруппы R1a со стороны Балтики и Скандинавии? То, что свидетельства миграции «скандинавского стиля» безусловно есть, это вопросов не вызывает. Но стиль — это не род, не этнос, это могут быть и свои родственники (члены того же рода, например, рода R1a), которые побыва-

ли на Балтике и в Скандинавии, и вернулись обратно на русскую землю, со своим русским языком и своими русскими обычаями того времени, но принеся скандинавские украшения и стиль построек.

Дело в том, что есть многочисленные свидетельства о миграциях с Русской равнины на запад, в Скандинавию носителей гаплогрупп R1a в середине 1 тыс. н.э., и если так, то их возвращение через 200—300 лет не есть прибытие неких «скандинавов» с чуждой культурой и обычаями. Да и 200—300 лет — это тоже не есть некий временной разрыв, потому что все это время славяне-эмигранты постоянно путешествовали через русские земли, поддерживая культурные и социальные контакты. Был активный Волжский торговый путь, который связывал острова Балтики и Каспийское море с выходом в Переднюю Азию, и обратно. Короче, шел постоянный контакт скандинавского, балтийского контингента гаплогруппы R1a, вышедшего с Русской равнины, с жителями Русской равнины. От того, что контакт был, и был приток скандинавских культурных элементов, отмахнуться нельзя и незачем. В наше время приток компьютеров в Россию с запада тоже можно объяснить без какой-либо «норманнской теории», как и массовый приток других товаров и культурных признаков.

Дело в «норманнской теории» вовсе не только в «скандинаве Рюрике» и в княжеской верхушке, а в самом понятии «Древнерусское государство». По «норманнской теории» основателями Древнерусского государства, которое было поначалу вовсе не в Киеве, а на берегу Волхова, в Старой Ладоге, в середине VIII века н.э., были свеоны, выходцы с балтийских Аландских островов и островов Готланд и Рюген. К славянам они поначалу якобы вообще отношения не имели, а просто грабили. Они же наладили торговлю по Волжскому торговому пути с арабами (и всеми остальными по этому пути), и это они, как русы, или сакалиба, описаны Ибн Фадланом в своем известном трактате. В результате весь Волжский путь до Скандинавии стал зоной обращения дирхема (серебряная арабская чеканная монета), и кладов этих монет на Русской равнине и до южного побережья Балтики и до Швеции — сотни, начиная от дирхемов 802—810 гг.

Как пишут историки, древнейший строительный горизонт поселка Старая Ладога представлен типичными скандинавскими «длинными домами» и ремесленной мастерской по ремонту и обслуживанию кораблей. Это — середина VIII в. По этой теории, тогда стал создаваться «каганат росов» от Ладожского до Ростовского озер, потом до междуречья Дона и Северного Донца, до хазарских крепостей. В 838 г. посольство «хакана росов» направляется в Константинополь. После этого новгородские росы захватили Киев и земли полян, а в конце VIII — начале IX вв. — и Смоленск (Гнездово), земли древлян, северов и радимичей. Киев объявлен столицей, поскольку возник Днепровский торговый путь «из варяг в греки». «Русская земля» расширилась от Вислы до Новгорода и от Верхней Волги до Киева, включая существенную часть современных Украины и Польши. Это — середина X в. Прошло 200 лет от начало Древнерусского государства.

Это и есть вкратце «норманнская теория», сжатая выжимка из работ некоторых историков.

В контексте нашей истории три острова представляют особый интерес — это Аландские острова (Аландский архипелаг), о. Готланд, и о. Рюген на Балтийском море. В 700-х гг. н.э. вдоль побережья Балтийского моря существовали около десятка норвежских и шведских княжеств. На территории Швеции властвовали два княжества — Svear (Suiones, свеоны) и Goths (готы, или геты). К 800 г. эти княжества объединились, и только Аландские острова, Рюген и Готланд оставались независимыми. Геты контролировали западную Балтику, включая территории современных Дании и Норвегии, свеоны — восточную. Все три указанные территории имели активные торговые связи, и, например, на о. Готланд были найдены 650 кладов, в которых были 140 тыс. арабских и европейских монет. С течением времени Аландские острова стали финскими, о. Готланд — шведским, о. Рюген — немецким. На о. Рюген, по сказаниям, жило славянское племя руяне, которые потеряли независимость в 1168 году, когда король руян Яромир стал вассалом датского короля. До сих пор на Рюгене (по легендам — о. Буяне) имеются остатки святилища Святовита (Свентовита). К XV в. славянский руянский диалект прекратил существование, население впоследствии онемечилось.

Но гаплотипы группы R1a остались. По данным моего коллеги И.Л. Рожанского (частное сообщение) на островах Балтийского моря активно представлены гаплотипы R1a с базовым гаплотипом (в 25-маркерном формате)

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16.

Его можно сравнить с гаплотипом Русской равнины (он же — центрально-евразийский базовый гаплотип)

13 25 **16** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 — 15 9 10 11 11 **24** 14 20 32 12 15 15 16.

Как видно, «балтийский» отличается всего двумя мутациями на 25 маркерах, что разводит их общих предков всего на 45 поколений, или на 1125 лет. Учитывая, что общий предок первого гаплотипа жил примерно 2000 лет назад, а второго — 4800 лет назад, то различий в мутациях могло быть и больше. Их больше и есть, если продолжить рассмотрение на последующих панелях гаплотипов. На последующих 32 маркерах (в сумме 67 маркеров) эти базовые гаплотипы имеют вид, соответственно

— 11 11 19 21 16 16 17 17 34 38 12 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12;

— 11 11 19 **23** 16 16 **18** **18** 34 38 **13** 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **13**.

Добавилось 6 мутаций, в сумме 8 мутаций на 67-маркерных гаплотипах, что дает 58 поколений, то есть 1450 лет между общими предками «балтийских» гаплотипов и гаплотипов Русской равнины.

Здесь не так важны расстояния в годах, как то, что гаплотипы Русской равнины и «балтийцев» очень похожи. В целом анализ гаплотипов и исторических сведений показывает, что немало славян переселилось в Западную Прибалтику, в Скандинавию, в середине 1 тыс. н.э., в эпоху Великого переселения народов. Они же активно использовали Волжский

торговый путь, они строили, судя по описаниям «скандинавских длинных домов», верфи и строительно-ремонтные сооружения для обслуживания кораблей на этом пути, они же доставляли серебряные дирхемы с низовьев Волги и южного побережья Каспийского моря в Прибалтику, и активно взаимодействовали со славянским населением Новгорода, Ладоги и окрестностей. Поэтому «призыв» их лидеров «на княжение» в Новгород был вовсе не призывом неких скандинавов или немцев, а был призыв своих же по родству и языку.

Что касается имен «варягов», таких, как Хельги, Ингвар, Хельга (женское имя) и подобные, то совершенно понятно, что после 100—200 лет жизни на островах Балтики и в Скандинавии имена могли и измениться. Русские эмигранты в США уже после двух-трех поколений называют своих детей Робертами и Ричардами, да и не только эмигранты, но и жители России. Поэтому странно читать у одного из историков-норманистов: «Сложно себе представить причину, по которой киевские славяне стали бы давать своим князьям германские имена. По крайней мере, имена князей других славянских государств (Моравии, Чехии, Сербии, Хорватии, Польши и т.д.) дохристианского периода почти исключительно славянские». Представить совсем не сложно, просто у других славянских государств была несколько другая история.

Еще выдержка из описаний норманиста: «Описание похорон «знатного руса» в отчете (арабского документа) Ибн Фадлана до мельчайших деталей — положение умерших на корабле, состав и размещение жертв и погребального инвентаря — соответствует хорошо изученному ритуалу (свевов — *А.К.*) у Венделя и Вальсъерсе... И далее норманист пишет: «В Вендельский период (550—780 гг. — *А.К.*) такой погребальный обычай бытовал только на Аландских островах и западном побережье Финляндии. И больше нигде в мире!»

Вот и прозвучали опять Аландские острова. По всей вероятности, это и есть источник (или один из источников) эмиграции и затем реэмиграции восточных славян, носителей гаплогруппы R1a.

Таким образом, норманнская теория просто редуцируется до славянской теории происхождения государственности в Древней Руси. Никакого противоречия между ними нет.

Михайла Васильевич Ломоносов был бы доволен.

Конечно, для большего обоснования положений настоящей статьи желательно собрать возможно больше протяженных гаплотипов современных жителей Аландских островов, Рюгена, Готланда, и провести их сопоставление с гаплотипами этнических русских. Тогда можно будет провести более детальное описание источников этих гаплотипов и дать более детальные датировки.

### *Опять отклики на отклики*

После моих выступлений по мотивам фильма М.Н. Задорного «Рюрик», в сети разгорелась довольно жаркая дискуссия. Это хорошо, хотя вопреки известному положения, в спорах не истина рождается, а аргументы оттачиваются. Поскольку дискуссия с норманистами, по сути, является идеологической, консенсуса ожидать не приходится. Каждая сторона остается при своем мнении. Но было занятно смотреть, как норманисты абсолютно не воспринимают новых аргументов, новых данных, и как они педалируют свои совершенно некорректные соображения. Я показываю, что там манипуляции, ложь, неверное цитирование — они и глазом не моргнут, больше к разбитому положению не возвращаются, как будто его и не было, и наседают уже с другой ложью. Я опять показываю, что это неверно, что ложь — нет проблем, опять как будто ничего не было, опять не вспоминают. Про извинения, что, мол, извините, маху дал, ошибся — вообще речи нет. Особенно этим отличался некий В. Волков, сотрудник Томского музея, убежденный норманист. Ложь, манипуляции, подтасовки из него сыпались просто горохом.

Вот, смотрите. Как я писал чуть выше, Волков занял время в программе П. Лобкова, излагая о том, что «в Белоруссии свои славяне», «на Украине живут другие славяне, ближе к полякам», «генетически различаются очень сильно». Я выступил и показал, что это — ложь, что все основные гаплогруппы у русских, украинцев, белорусов те же самые, что украинцы вовсе не ближе к полякам, а даже часто наоборот. Это описано в этой главе выше. Вы думаете, Волков извинился? Признал, что был неправ? Да ни в коем случае, сделал вид, что ничего не было. Без перерыва тут же перескочил

на другую тему, что гаплотипы русских князей именно скандинавские, потому что у них в гаплотипах на третьем месте стоит 14, а это — якобы «скандинавская цифра», у балтов там 15. Сами гаплотипы приведены выше, во второй части главы. Я опять публично объяснил, что это совершенно неквалифицированное заявление, отражающее полное невежество Волкова в вопросах ДНК-генеалогии. Дело в том, что эти 14 или 15 в гаплотипах ничего не означают. Одна цифра в гаплотипе ничего не дает, она у отца одна, а у сына уже может измениться. Мутация. Почти у всех финнов (у 84%, если точнее) действительно на третьем месте стоит 14, а у прибалтийских славян там чаще 15. Но у общего предка русских князей, или у его отца или деда там произошла мутация 15→14, и у всех упомянутых в части 2-й статьи русских князей там 14. Вот и все. Надо систему смотреть, а не выдергивать один фактор. Чтобы такие вещи обсуждать, надо не один маркер смотреть, а несколько независимых.

Волков проглотил, и больше на эту тему, о 14 или 15, разговор не заводил. Но опять же не извинился, не признал, что маху дал. Замел под ковер. И тут же выскочил с новой «концепцией»: *«У гаплогруппы N1c1 есть много субкладов и много кластеров, и вот тот кластер, в который входят Рюриковичи и который определяет DYF395S1=15-18 встречается в основном у шведов».*

На самом деле это — очередная бессмысленность. Самая распространенная (соответствующая) пара в гаплогруппе N1c1 — это 15-17. Иначе говоря, до 15-18 у нее всего одна мутация. Опять В. Волков смотрит на одиночную мутацию, которая может произойти у любого в любом поколении, и далее передаваться в потомках. Категорически нельзя в ДНК-генеалогии что-то базировать всего на одной мутации. Нужна система. Вот когда я обращал внимание на «шестерку» 9-9, 14-14-15-15, которая в основном у славян, и 10-10, 13-13-14-14, которая в основном у финнов, то это была система. Это — серия независимых мутаций.

Да что, собственно, его слушать? Давайте посмотрим, где там у шведов «встречается в основном» пара 15-18.

В основном проекте гаплогруппы N1c1 среди 425 человек имеется 21 шведский гаплотип, из них только у 18 человек определена эта пара. Смотрим. Значения 15-17 — у 13

шведов, 17-17 — у двух, 15-18 — у трех. Где там, у шведов, «в основном 15-18»?

Ну, о чем после этого можно с Волковым говорить? Ему страстно хочется, чтобы Рюриковичи шведами оказались, но не получается.

Мало того, что у шведов этой гаплогруппы N1c1 почти нет, мало того, что почти все имеют славянское происхождение, что я показывал разными способами, в том числе и на деревьях гаплотипов, но у них и этой пары, 15-18, считай что и нет. А Волков опять за свое: «Встречается в основном у шведов».

А там дело просто. Самая распространенная пара — 15-17. От нее статистика направляет мутации симметрично в две стороны — к 15-18 и 17-17, обе — одношаговые мутации (вторая — так называемая палиндромная, или мультикопийная; ее можно назвать дублетной). Никаких «в основном 15-18» там нет.

Но — будьте покойны, он и это проглотит, и выскочит с чем-то другим. Этот стиль и есть норманизм.

Еще типичный образчик типичной норманнофильской ментальности. В самом конце прошлого года в эфире появился фильм «Русь. Зарождение государственности. Идентификация Рюрика», который, по всей видимости, должен был составить «конкуренцию» авторскому фильму Михаила Задорнова «Рюрик. Потерянная быль», сразу побившему все рекорды по просмотрам. Вопрос был поставлен все тот же: кем был Рюрик на самом деле?

Этот фильм я посмотрел. Он состоит, по сути, из двух частей, перемежающихся одна с другой. Первая часть — вполне познавательная, о похищении костей Ярослава Мудрого из Киева и предположительном перевозе их в Нью-Йорк в 1940-х годах. Вторая часть — совершенно примитивная, и я бы сказал, что полная профанация — о якобы ДНК-генеалогии. Персонажи в ней — под стать. Это — тот самый В. Волков, музейный сотрудник из Томска, якобы «ДНК-генеалог», хотя в ДНК-генеалогии он персонаж совершенно случайный. Затем популяционный генетик О. Балановский, который довольно предусмотрительно сыграл в фильме роль статиста, и ничего содержательного не высказал. О его творчестве я уже рассказывал чуть выше — это автор той самой «научной»

профанации, что украинские славяне якобы совсем другие, чем белорусские и, тем более, русские, и ближе других к полякам. В общем, паноптикум еще тот.

Я не знаю, кто из этих «ДНК-генеалогов» консультировал фильм, но за фразу, прозвучавшую в самом начале, что «каждый этнос имеет свою гаплогруппу», надо выгонять без выходного пособия. Этносы — это практически всегда объединения разных гаплогрупп. Нет у них «своей гаплогруппы». Например, в русском этносе есть четыре основных гаплогруппы — R1a, I1, I2, и N1c1, плюс еще десяток минорных, которых среди русских от нескольких процентов до долей процента. Что они — не русский этнос?

Комедийный тон фильму задала некая Елена Мельникова, которая сообщила, что имя Рюрик — шведское, и произошло от имени Хререкер. Да, есть такое — пишется как Hrœrekr, но при чем здесь Рюрик? Надо было сразу врезать зрителям, что это имя произошло от Рериха, Николая Константиновича. Было бы более убедительно.

Забавно было и то, как в фильме показано, что в июне 2012 года князья, члены Российского Дворянского собрания, начиная с Г. Гагарина, сдавали свои мазки из ротовой полости для определения ДНК, и что в декабре 2012 года, наконец, результаты были готовы. Там, правда, работы для получения результатов всего на пару дней, но попгенетики запрягают долго. А главное — я и не знал, что это только в 2012 году определят, когда в начале 2011 года анализировал гаплотипы этих же князей по базам данных (статья об этом в «Вестнике ДНК-генеалогии» вышла в апреле того же 2011 года). Зачем нужно было комедию в фильме ломать, когда у того же князя Гагарина гаплотип давно уже был определен, а именно в конце 2007 года, как определено и то, что среди «Рюриковичей» есть две линии, R1a и N1c1. Это давно известно.

Но самое комичное в фильме было в конце. Это когда три танкиста, три веселых друга... пардон, три попгенетика собрались вместе в декабре 2012 года, и крупно писали друг другу на листе бумаги те самые буквы — R1a и N1c1, которые фигурировали в статье «Операция «чистые Рюрики» в русском издании журнала Newsweek в далеком 2007 году. И когда В. Волков ткнул пальцем в буквы N1c1 и сказал: «Жил в Швеции». Откуда, каким это образом? А так... потому что так нужно было. Норманизм.

Кстати, к этому моему тексту на форуме «Переформат» поступил комментарий Виктора Митрофанова: *«Спасибо за статью. Смотрел и я этот фильм «Русь. Зарождение государственности. Идентификация Рюрика». Данными там оперировали, конечно, как хотели: в начале фильма на карте скандинавский полуостров был обозначен как зона гаплогруппы I, а в конце фильма скандинавской стала гаплогруппа N1c1. Кстати, Гагарин там в синхроне говорил, что Рюрик однозначно славянин:)»*

Ясно, что норманнофилы эту реплику князя Гагарина никогда не процитируют. У них цитирование избирательное, отфильтрованное.

Еще комментарий, имеющий отношение к делу, Игоря Журавлева: *«С большим интересом прочел Вашу статью, практически со всеми выводами согласен, однако не могу не указать на одно тонкое место. Вы пишете, что представители того же южно-балтийско-славянского субклада живут, в том числе, в Норвегии и Швеции. Причем их там не так уж и мало. Получается, что чисто теоретически предок Рюриковичей мог в свое время приехать на Русь из Скандинавии, вернувшись таким образом на свою «историческую родину».*

*Примечательно, что Волков, утверждая, что субклад L550 делится на 2 ветви (южно-балтийскую и скандинавскую), а гаплотип «Рюрика» несомненно является скандинавским по происхождению, сам же при этом проговаривается: «**Основываясь на генетических данных можно предполагать, что предки Рюриковичей N1c1 появились в районе Уппсалы около 1500 лет назад в процессе миграции представителей скандинавской ветви с территории Северо-западной России в Швецию**».*

*Т.е. он то ли не понимает, что этими словами сам же себя, по сути, опровергает: ведь если носители этой ветви прибыли в Швецию из Северо-западной Руси, значит, какая-то их часть (и, скорее всего, большая) должна была здесь же и остаться! То ли он просто не придал этому значения, а может — случайно проговорился :)*

*Но тут дело в том, что это место, являющееся слабым у Волкова, не самое сильное и в ваших построениях. И поэтому мы не может наверняка утверждать, был ли Рюрик «мест-*

*ным» или «репатриантом» из Скандинавии. Хотя в том, что вы разбили их «неопровержимые доказательства», я на 100% согласен. Но при этом точного ответа на главный вопрос — о происхождении Рюрика, все равно (пока?) не получили».*

Я ответил: «Обратите внимание на место в статье выше: «*Поэтому надо понимать, что ДНК-генеалогические признаки не являются абсолютными (как, впрочем, и никакие другие), но они, будучи вероятностными, помогают приходить к определенным выводам, особенно когда подкрепляются положениями археологии, антропологии, лингвистики, которые, естественно, тоже не являются абсолютными. Так происходит постепенное приближение «к истине», которая тоже не абсолютна, потому что в постоянном приближении. Так работает наука*».

Поэтому в науке нет слова «истина». Как и в документах Генштаба нет слова «война». Но если последнее — дань традиции, то первое имеет глубокий смысл. Наука выдает результат как продукт оптимизации большого количества факторов, часто противоречивых, и мы в каждый данный момент не знаем, что из них верно, что нет, что ошибка, что сфальсифицировано (да, бывает и так), что натянуто или не рассмотрены возможные альтернативы. Поэтому «точный ответ» в науке является на самом деле «наиболее вероятным ответом», особенно на передних фронтах науки, когда картина еще не устоялась. Кстати, устоявшаяся картина — в науке тоже далеко не всегда правильная.

Поэтому по совокупности данных, по их «оптимизации», а значит, по результату взвешивания «за» и «против», и оценки достоверности каждого привходящего фактора, происхождение Рюрика — славянское, а не «скандинавское». В общую картину идут и вторичные факторы, которые в отдельности имеют вес небольшой. Например, что князь Гагарин, один из «Рюриковичей», член Российского Дворянского собрания, судя по комментарию выше, сказал в фильме, что Рюрик был безусловно славянин. Сам по себе этот комментарий князя имеет малую научную ценность, сказать можно все, что угодно, но когда картина складывается убедительная, то слово самого «потомка» приобретает дополнительный вес.

Я здесь должен подчеркнуть, что говоря «Рюрик», мы в данном контексте имеем в виду предка группы русских кня-

зей. Его не обязательно звали именно «Рюрик», но в общей постановке проблемы и ее решении этот фактор имеет важное значение. Мы ведь складываем мозаику, и это есть та самая оптимизация. До привнесения ДНК-генеалогии эти князья рассматривались как вторичный, или третичный фактор. Мало ли что они говорят, они, может, вовсе и не родственники друг другу. И вдруг оказалось, что родственники, одна ДНК-линия, и которая сходится к общему предку, жившему в то же время, что и легендарный Рюрик. Сразу фактор князей стал одним из важных, если не определяющих. И норманисты на это моментально отреагировали. В ответе мне ведущий «норманист» Лев Самуилович Клейн написал: «*Что значительная часть русских князей-Рюриковичей оказалась по гаплотипу не скандинавской, мне известно. Это те князья, принадлежность которых к Рюриковичам и ранее ставилась под сомнение по другим основаниям*». Как видите, Л. Клейн признает, что не скандинавы по происхождению, но сразу включается отрицание самого фактора князей. Вот так работают норманисты. Их в дверь, а они в окно.

И последнее. Не «точный ответ» меня в данном случае интересовал, когда я работал с ДНК князей и вообще большим количеством носителей гаплогруппы N1c1 и R1a. Не в этом была задача, которую я сам перед собой поставил. Если бы меня тогда спросили: «А вы получите точный ответ?», я бы сказал, что наука в таких ситуациях не дает «точных ответов». Но она показывает, что теории норманистов дутые, что есть толковые альтернативы, которые они не рассматривают, а если рассматривают, то, как обычно, жульничают, заметают под ковер, искажают.

Я работал над материалом, который может пролить свет на проблему с другой, неожиданной стороны, добавить новые факторы в ту самую оптимизацию. И добавил. А что до того, откуда Рюрик со своими славянскими корнями мог вернуться на родину, свою или предков — то что это принципиально меняет? Да хоть из Австралии. На то, откуда вернулся, есть горы материалов у историков. Только они опять противоречивы, вот в чем штука. Поэтому, думаю, их надо еще раз (и не один) пересмотреть, используя новое знание, полученное в последнее время. Процесс познания бесконечен, и в этом вопросе тоже.

*«Вы пишете, что представители того же южно-балтийско-славянского субклада живут, в том числе, в Норвегии и Швеции. Причем их там не так уж и мало».*

«Много» или «мало» — категории относительные. Мало по сравнению с чем? Я в статье выше пишу — среди 425 гаплотипов гаплогруппы N1c1, приведенных в базе данных, русских — 77, поляков — 32, шведов — 21, норвежцев — 10, эстонцев — 3, датчан — 2. Остальные в основном финны, но у них другие гаплотипы. А подавляющее большинство «скандинавских» (включая и эстонские) гаплотипов — славянские по происхождению. И это не удивительно — ведь направление миграции носителей N1c1 на запад от Северной и Южной Балтики было или от финнов, или от южно-балтийских славян. Нет «своих» гаплотипов в Скандинавии, там либо финские, либо славянские. И славяне там доминировали, это даже по языку видно. Обратите внимание, языки в Швеции, Норвегии, Дании и части Финляндии — индоевропейские, а не финно-угорские. Это был вообще единый язык до середины XI в. н.э., опять же индоевропейский. Потому и славянские гаплотипы доминируют, эти понятия — гаплотипы и язык — часто взаимосвязаны.

И опять, как предсказывалось, выскочил В. Волков. Уроки ему впрок не пошли.

Волков называет ветвь гаплогруппы N1c1 «скандинавско-русской» (в их проекте это «скандинавская», так что уже прогресс), и это здесь же использует как аргумент, что это скандинавская. Порочная «аргументация».

Что, мне ему отвечать на «возражение», что *«славяне не могли двигаться по территории, где никаких славян не было»*? Даже лингвистически это неверно, в сторону Швеции распространялись языки индоевропейские, включая древнескандинавские. Откуда они туда попали? Так от славян же, язык которых — тоже индоевропейский.

*«Гаплотипов скандинавской ветви нет на южном побережье Балтики»* — это именно то, что я и пишу. Что никаких скандинавов там не было.

Он жонглирует лингвистическими понятиями: *«Все этнические славяне из южно-балтийской ветви N1c1 стали славянами не ранее, чем 1000 лет назад, первоначально будучи балтами»*, а я отвечаю: ДНК-генеалогическими, где «бал-

ты» и «славяне» относятся к одному и тому же роду (в данном случае, а в целом — к нескольким родам, опять совпадающих у балтов и славян).

«*Также не стоит считать гаплотипы Рюриковичей финскими*». Ну, спасибо. Вы видите приемы Волкова? Он якобы отрицает то, что сам приписывает оппоненту. Опять — заболтать, замотать, авось читатель не разберется.

«*Но таким же научным фактом является присутствие скандинавов на территории Северо-Западной России*». Ну и что? При чем здесь Рюриковичи и основание русской государственности? Опять подмена понятий. Мало ли где славяне были в Европе, да везде были. Что с того? Да и то, что написано, не факт. Он сам только что выше писал, что «*гаплотипов скандинавской ветви нет на южном побережье Балтики*». Если взять R1a, то в России вообще нет скандинавской ветви. Или они сортировали своих дружинников по гаплотипам, прежде чем на Русь идти? Были бы на Руси скандинавы в заметных количествах, то и гаплотипы бы их были, включая R1a. Нет их.

И тут же — реклама их норманистского сайта, мол, заходите, люди добрые, мы тут вам все расскажем, что славян не было, все это — скандинавы. Нет, спасибо. Хотя обычная ответная фраза «нет, лучше вы к нам» тоже не подходит. Оставайтесь у себя, раз дискутировать не умеете.

Комментарий Вазгена Шеремета: «*Не могу не отметить, что вы избираете единственно верную тактику в данном случае: обвинения в ненаучности и незнании «очевидных фактов», славянофилии и квасном патриотизме (не считая мусора, не имеющего отношения к делу) растянулись бы на многие страницы. Неблагодарное дело — все равно ничего не докажешь сотруднику агитпропа*».

### *Новая серия переписки с Л.С. Клейном*

Л.С. Клейн — известный российский археолог. У меня с ним была объемная переписка два года назад, в которой я попытался заинтересовать его ДНК-генеалогией. Причина была проста — я увидел в его работах положения, которые он не мог объяснить, и возвращался к ним опять и

опять, каждый раз говоря, что объяснений дать не может. Это касалось, например, того, что у многих археологических культур Русской равнины корни расходятся в разные стороны, и Л. Клейн не мог этого понять. А причина совершенно проста — на Русской равнине были две основные гаплогруппы — R1b и R1a, причем первая на тысячу лет раньше, чем вторая. Первая пришла с востока, вторая — с запада. Обе гаплогруппы — европеоидные, братские, различить их по антропологии практически невозможно. Многие археологические культуры были начаты эрбинами (R1b) и продолжены ариями (R1a). Вот и корни разные.

К моему удивлению, граничащему с изумлением, Л. Клейн в ходе нашей с ним переписки ДНК-генеалогией не заинтересовался. Точнее, он даже и не начал интересоваться, у него тут же включился некий ментальный блок. Он обсуждал все, что угодно, и это заняло около 50 объемных писем. Но не ДНК-генеалогию. С самого начала он начал сообщать, что по этому поводу говорят популяционные генетики (которые к ДНК-генеалогии отношения фактически не имеют, это другая научная дисциплина), что то, что половина этнических русских и все северная Индия имеют гаплогруппу R1a — это какое-то недоразумение, начал сомневаться, что мои расчеты верные (не имея к сомнениям никаких примеров или обоснований, а просто так, видимо, чтобы просто усомниться), и так далее.

Стало ясно, что ДНК-генеалогия его не интересует в принципе, и он на себя просто нагоняет это отсутствие интереса. Ищет поводы, чтобы ему было неинтересно. На мое сообщение о возможной причине разных корней у археологических культур он даже не откликнулся. Когда стало окончательно ясно, что наши ментальности противоположны, и толку от общения нет, что от моих упоминаний про древних ариев он тут же переходит на Гитлера и нацистов, что для меня признак явной ущербности, я переписку прекратил. Тогда я и понятия не имел, что Л. Клейн — лидер современных «норманистов», или норманнофилов. Иначе я бы понял, что кроется за его дежурной фразой в его работах, что «вот тут некоторые дошли до того, что предков славян в ариях ищут». А я эту фразу счел за простую неосведомленность Л. Клейна, что древние арии и две трети современных этнических русских имеют одну и ту же гаплогруппу, R1a. Когда попы-

тался объяснить, то опять пошло, что это какое-то недоразумение. Я ему процитировал известную американскую поговорку, про «не путайте меня фактами, я уже настроился на обратное», и переписку прекратил.

И вот когда я написал популярную статью по фильму М.Н. Задорнова, то Л.С. Клейн в своей сетевой рубрике вдруг отозвался, что мои статьи специалисты (в популяционной генетике) не цитируют.

Вы видите разницу в ментальности? Я показываю на диаграммах и графиках, на сериях гаплотипов, что предками Рюриковичей были никакие не шведы, а наиболее вероятны славяне, представители южно-балтийской ветви, а Клейн — что его не цитируют! То есть не по сути доказательств, не по сути данных, не по сути выводов и заключений, а уходя в какие-то совершенно не относящиеся к делу пассы.

Л.К. Клейн — это представитель некого «явления» в гуманитарных направлениях наук, которые не говорят по сути, если им это невыгодно. Они заматывают, забалтывают, бегают по всему полю, а сами данные не обсуждают. Вот это — суть норманизма. Они выпячивают то, что им кажется важным, но то, что противоречит — не показывают, обходят, скрывают, не цитируют. При этом активно включаются манипуляции, подгонки, искажения, передергивание данных.

Вот это и есть норманизм.

Итак, я опубликовал систему данных и доказательств, что князья, предполагаемые потомки Рюрика, члены Российского Дворянского собрания, являются потомками вовсе не шведов, а южно-балтийских славян. Эти материалы в научно-популярной форме приведены выше в этой книге. На самом деле здесь можно придумать массу вариантов, что эти князья — потомки не Рюрика, а какого-то другого знатного воеводы, или что их предки, будучи по происхождению славянами, ушли повоевать в Скандинавию, да хоть в Англию (где тоже славянские по происхождению гаплотипы встречаются, и не меньше, чем в Швеции), а потом вернулись. Придумывать можно все, что угодно. Ценность моих исследований гаплотипов вовсе не в этом, а том, что появилась система новых данных, подходов, выводов, которые теперь необходимо принимать во внимание, включить в круг данных по происхождению русской государственности, в научный оборот.

Да? Не знаете вы норманнофилов. Они сразу включают испытанные средства:

Первое: «Ничего не вижу, ничего не слышу».

Второе: автор в шляпе. Или — он не в шляпе. Не так одет. Не там опубликовал. Его «специалисты по популяционной генетике не цитируют». Он журнал издает. Он не профессор, или профессор, но не там, или там, но не тогда, или тогда, но не специалист в популяционной генетике.

Третье: данные перевирают, искажают, выставляют встречные, типа «пара 15-18», что есть ложь.

И так далее, только чтобы на прямые вопросы не отвечать.

Этот стиль тут же принял Л.С. Клейн. Поэтому я считаю делом стóящим опубликовать нашу с ним переписку, серия вторая, только на этот раз не личные обращения друг к другу, а через публичные форумы, или блоги. Дело здесь не в самом Л. Клейне, а в показе явления, в обнажении сути норманизма, в демонстрации манеры, в которой они ведут «дискуссию», в которой для них главное — не суть вопроса, а сторонние пассы, в первую очередь направленные на дискредитацию оппонента, как им кажется.

Чтобы не дублировать словесные пассажи Л. Клейна, и тем самым не поощрять его манеру «дискуссии», я буду приводить только мои ответы, которые содержат те самые его пассажи. Из них ясно, насколько Л. Клейн уходит от самих вопросов дискуссии, и постоянно переводит стрелки на личность оппонента, на вопросы третьестепенные. Ну как вы отнесетесь к тому, что в ответ на мои доказательства того, что Рюриковичи не шведы, а славяне по происхождению, следует «ответ», то это не ДНК-генеалогия, а популяционная генетика? Это-то при чем?

Приступим.

### *Ответ первый*

Л. Клейн, к сожалению, пошел обычным путем передергивания и искажения, доводя до абсурда, а также излагая то, что не понимает. Например,

*>попутно завел журнал о ДНК-генеалогии, как он это называет, а у профессионалов это называется популяционной генетикой (сюда входит и палеогенетика).*

Он путает ДНК-генеалогию с популяционной генетикой, хотя у них совершенно разные методологии, и как следствие — это разные науки. Это все равно, что путать лингвистику с археологией. То есть этого Л. Клейн не воспринимает, хотя я ему ранее это во многих письмах объяснял. Но это ему на самом деле нужно для усиления тезиса, что «популяционные генетики его (то есть меня — *А.К.*) не цитируют». Так они другим занимаются, что им меня цитировать? Более того, я от публикации к публикации показываю, что их подходы и расчеты неверны, потому они меня не цитируют. В нашем журнале (линки выставлены на http://aklyosov.home.comcast.net) есть отдельный раздел «Осторожно: популяционные генетики», в котором мы подробно разбираем натяжки, подтасовки и откровенную безграмотность этих «профессионалов». Так что я осознанно еще несколько лет назад пошел на разрыв с «популяционной генетикой», в той части, которая относится к анализу гаплотипов и соответствующей связи с историей и лингвистикой.

Вот, например, как я это описывал в журнале «Биохимия», одном из наиболее заслуженных журналов Российской Академии наук: популяционная генетика обычно занимается сравнительным анализом популяций путем изучения частот аллелей и их изменения под влиянием эволюционных процессов, объясняя таким образом адаптацию и специализацию в популяциях, и в итоге формулируя закономерности и законы перехода от набора генотипов к серии фенотипов в популяции. Напротив, ДНК-генеалогия — это, по сути, наука историческая, создаваемая на базе химической и биологической кинетики и секвенирования ДНК. В ней ярко и количественно выражена временна́я компонента. Иными словами, ДНК-генеалогия — это продукт слияния определения последовательностей определенных фрагментов ДНК (гаплотипов) и методов химической кинетики, количественно анализирующих динамику изменения этих последовательностей в популяциях. Генетики так таковой в ДНК-генеалогии нет, она рассматривает только негенные области ДНК.

Это же я рассказывал и Л. Клейну в нашей продолжительной переписке. И не моя вина, что он это не усвоил. Впрочем, наверное, и не его вина, а скорее беда.

*>...сводит этносы к гаплогруппам, т.е. к биологии.*

Л. Клейн опять не понимает, что ДНК-генеалогия этносами не занимается. Она занимается родами, то есть гаплогруппами, и их историей. У этнических русских, например, полтора десятка гаплогрупп, и все вместе они составляют этнос. Этнос — не вопрос ДНК-генеалогии, и к гаплогруппам его сводить бессмысленно. Немцы и русские имеют тот же набор гаплогрупп, только в разной пропорции, а этносы разные. И опять, я столько Л. Клейну про это ранее объяснял, а он не воспринимает.

И про то, почему с гуманитариями трудно, Л. Клейн не понял. Дело в том, что ДНК-генеалогия подняла новый пласт знания, а гуманитариям это не нужно. Не хотят они ничего у себя менять. Вот в чем главная причина. А не хотят — потому что или не понимают, как Л. Клейн, или страшит что-то менять. Опять же, приказа сверху не дали, а инициатива наказуема.

*>...констатируют заметный в истории IX—XI веков факт успешного нашествия норманнов (скандинавов) на восточнославянские земли.*

Да не аргумент это, Л. Клейн опять садится на заезженную лошадку. И скифы, и сарматы, и прочие праславяне тоже будь здоров как «нашествовали» на Центральную Европу. Ну и что с того? В Европе все давно в этом отношении перемешалось, и ДНК-генеалогия разворачивает этот пасьянс, где получается. При этом удается прослеживать многочисленные ветви славянских R1a, вклинивающиеся в Центральную Европу (и далее на запад) в 1 тыс. до н.э. и в первой половине 1 тыс. н.э. А вот никаких ветвей скандинавов (норманнов), которые бы вклинивались в восточнославянские земли нет и близко, вот в чем штука. Если и есть, то только возвратные славянские, которые испокон веков уже были на Русской равнине. А они свои, поэтому ничем не отличаются от местных, исконных.

Потому я и повторяю столько раз, что не было никаких «скандинавов» на восточнославянских землях, которые отличались бы от местных славян. А вот в самой Скандина-

вии такие отличные ветви R1a есть, которые ушли с Русской равнины тысячелетия назад. Так и называются — родительская «скандинавская ветвь» R1a-Z284 (образовалась 4300 лет назад), ее дочерняя «старая скандинавская ветвь» R1a-Z287 (образовалась 3700 лет назад), внучатая «молодая скандинавская ветвь» R1a-L448 (образовалась 2700 лет назад), правнучка «шотландская горная ветвь» R1a-L176.1 (образовалась 1850 лет назад). А среди русских этих ветвей или их представителей нет. У них — R1a-Z280 (образовалась 4900 лет назад) и R1a-M458 (образовалась 4200 лет назад), и их подветви.

Уже один этот факт от норманизма камня на камне не оставляет. Так и получается, что эти «скандинавы» на самом деле славянами и были, возможно, вернувшимися из военных походов. Но славяне местные, свои, не «скандинавские» ветви.

Пусть Л. Клейн найдет мне хотя бы одну работу «популяционных генетиков», где они приводили бы подобные идентификации ветвей, да еще с датировками. Нет таких, это не вопрос популяционной генетики. Это вопрос совершенно другой дисциплины, ДНК-генеалогии.

Но ведь «норманнофилы» и на это глаза закроют. Вы думаете, Л. Клейн теперь это цитировать будет? Изменит точку зрения? Да ни в коем случае. Для этого надо быть независимой, сильной личностью, настоящим ученым. В этом и причина, почему он ни словом не упомянул те мои графики и данные, что я привел в части 2 моей статьи по мотивам фильма М. Задорнова. Там же совершенно убедительно было показано, что и предки российских «Рюриковичей», князей Дворянского собрания, и шведы, и датчане, и норвежцы (гаплогруппы N1c1) — это никакие не «скандинавы» по происхождению, а южные балты, которые сплошь славяне. А Клейн и не упоминает, глаза закрывает. А потом будет приговаривать: «Его норманнофилы не цитируют».

Вот ведь в чем корень этих его высказываний. Нет у них, норманнофилов, никакой науки. Есть идеология, стоящая на натяжках, подтасовках, произвольных интерпретациях, на закрывании глаз на факты. Это — не наука, и ее представитель (во всяком случае в отношении норманизма) — Л. Клейн. Вот потому со многими гуманитариями трудно, не хотят они смотреть чуть в сторону от заезженной колеи. Причем шоры сами на себя надевают.

И со славянским патриотизмом Л. Клейн передернул. Волков, о чем я писал ранее, базировал свой тезис на неверном положении, что «славян на Русской равнине не было», и на этом основании перескочил на то, что раз так, то и патриотизма славянского нет и быть не может. Л. Клейн теперь протягивает ему руку и подводит более «основательную» базу. Вот такую:

*>Славянский патриотизм действительно не существует. Всех славян ничего не объединяет, кроме языка: ни раса, ни культура, ни религия, ни политика, ни даже гаплогруппа (у южных славян господствует не та, что у восточных и западных).*

Я, пожалуй, зачитаю этот пассаж осенью этого года в Сербии, на конференции по славянству. Представляю взрыв возмущения в аудитории. А после этого мне придется (с сожалением) сказать, что автор этого пассажа — еврей, который для себя ничего не вынес из истории еврейства и его трагических проблем. Боюсь, что взрыв негодования будет еще более сильным. Неужели для Л. Клейна можно быть настолько бестактным, чтобы такие «плюхи» допускать?

Можно подумать, что русских объединяет «политика». Да сколько людей, столько и «политик», вплоть до диаметрально противоположных мнений. И это совершенно нормальное дело. И никакая гаплогруппа русских не объединяет. Значит, по Клейну, и патриотизма быть не может.

Видите уровень «аргументации»? Опять, лишь бы заболтать.

*>...здесь сидел одно время в тюрьме и лагере.*

А вот этого не надо. Л. Клейн, видимо, полагает, что незнающая аудитория проникнется симпатией к якобы «диссиденту» и «борцу с режимом», которым Л. Клейн себя здесь в некотором смысле позиционирует. Не надо, а то кто-нибудь может спросить, а за что сидел в тюрьме и лагере? И — придется ответить, к полному конфузу окружающих.

*>Анатолий Алексеевич Клёсов... эмигрировал в Америку, служит американскому производству... попреки в мой адрес в сложившейся ситуации звучат, по меньшей мере, пикантно.*

Я разрабатываю противораковые и противовоспалительные лекарства. И что же здесь звучит «пикантно»? Или это

не служит и российским людям, если заболеют? Любой врач в России и других странах может найти мои книги по биомедицинским направлениям и выписать их, например, с известного сайта www.amazon.com. Или других аргументов у Л. Клейна уже нет?

Естественно, никаких других аргументов у него нет. Потому любой заметит, что я даю ФАКТЫ в отношении «норманнов», диаграммы, графики, датировки, указывающие на то, что никаких «норманнов», о которых пишет Л. Клейн и ему подобные, в истории Руси и России не было, а если и были, то как второстепенный фактор, приходили и уходили, как повсюду в Европе и за ее пределами. Были свои, славяне. А уж какое они оружие из походов приносили, какие дома строили, и какие дирхемы и прочие монеты в свои мешки складывали, это вещи совершенно вторичные.

*>А теперь к сути того тезиса, который сделал А.А. Клёсова изгоем среди ученых профессионально занимающихся гаплогруппами (популяционной генетикой). Это тезис о славянах и ариях... арии — это по общему признанию науки название языковой семьи — это говорящие на иранских и индоарийских языках, и только.*

Ну, про «профессиональных популяционных генетиков» — это опять Л. Клейн завел свою пластинку. Я бы назвал это профессиональным невежеством, и тех попгенетиков, и самого Л. Клейна. Впрочем, про этих «профессионалов» я уже писал выше. Вред, который они нанесли своей науке, переоценить трудно. Дискредитация полная.

Так вот, в лингвистике понятия одни. А в жизни они другие. Арии — это был род, прибывший в древности, а именно примерно 3500 лет назад, в Индию, Иран, на Ближний Восток, и не только на те территории, а и в Зауралье и до Китая, и, возможно, в Египет и в другие регионы. Говорили они на арийских языках в динамике их развития в ходе столетий и тысячелетий. Так что языковая семья — это просто один, хотя и важный угол рассмотрения ариев. Не думаю, что Л. Клейн никогда не слышал о том, что классическая культура Индии складывалась в крае, известным под древним названием Арьяварта, «страна ариев». Или это древние арии из лингвистических соображений так этот край называли?

Народ это был, арии, род ариев. И ДНК-генеалогия изучает этот род, среди других родов. Изучает предков, историю этого рода, понятно? Язык — это один из факторов изучения этого рода, и его места в истории. Не место языка в истории, а место рода в истории. Название рода ариев не принадлежит лингвистике, здесь лингвистика — дисциплина прочая среди равных. Этот род проделал очень длинный миграционный путь, придя в Европу, на Балканы (что можно заключить по совокупности данных) примерно 10—9 тысяч лет назад, и оттуда уже шел по Русской равнине, расходясь по разным направлениям.

До недавнего времени это было совершенно неизвестно, поэтому понятия лингвистики были оправданными, других-то не было. Сейчас же стало ясно, что понятия лингвистики — это только небольшой фрагмент общей картины. И сидеть и долдонить, что «по общему признанию науки...» это настолько далеко от настоящей науки, которая всегда в развитии, что становится неловко, что говорящий это числит себя по научному департаменту.

Славяне — это далеко не только языковое понятие, как и арии. Более того, две трети славян имеют того же самого общего предка, что и арии, они относятся к тому же роду R1a. Это тоже еще несколько лет назад было совершенно неизвестно. Теперь наука требует привести все это в соответствие. ДНК-генеалогия и начала этот процесс приведения в соответствие. И что мы видим? Сидит некто, по фамилии Клейн, полагающий, что он представляет собой всю науку, и ничего не хочет менять. Наука, говорит, «по общему признанию»... Ауууу... Скажите ему, какое тысячелетье на дворе.

*>Язык часто заимствуется, передается не в связи с биологической популяцией.*

Ну, спасибо, открыли глаза. Просветили. Это называется — ломиться в открытую дверь. Но есть времена, когда язык переносится относительно компактно, особенно в древности, и есть времена, когда он заимствуется. При этом есть бесчисленное количество вариантов, к чему это приводит. Язык гаплогруппы R1a был пронесен как минимум от Анатолии в Европу, и оттуда по Русской равнине на восток, до Китая, и, возможно, дальше, до Индии, Ирана, до Ближнего Востока. И, кстати, везде по этим направлениям переносился

символ свастики, как дополнительный аргумент — как минимум от Трипольской культуры на западе до Китая и тихоокеанского побережья, до Индии и Ирана, до Египта, до Аравийского полуострова. Везде, где были арии. Там еще много надо уточнять, но картина в общем складывается цельная. И с тех пор язык, естественно, заимствовался, и передавался, и в итоге сейчас многие в Памирском регионе, и вообще в Средней Азии, Индостане, Передней Азии говорят на иранских и индоарийских языках. Что же здесь не стыкуется с данными ДНК-генеалогии? А Европа с того времени вообще почти вся перешла на индоевропейские языки, в основе которых опять же был арийский язык. Что здесь не стыкуется? Что это вдруг делает меня «изгоем»? Впрочем, в суррогате от науки первопроходец — всегда «изгой».

>*Если вы находите среди славянских предков ариев, то почему не объявляете праславянами африканцев, предков нынешних негров? Они ведь тоже, в конечном счете, биологические предки славян.*

Вот это и есть доведение до абсурда. Да не объявляю хотя бы потому, что у них гаплогруппы другие. Это — другие рода. Более того, предки нынешних негров — не наши предки по мужской линии, хотя примерно 160 тыс. лет назад предок был общий. Но он, похоже, негроидом или другим чернокожим не был. Неандертальцы ведь не были неграми, а они наши племянники. Так что негры — не биологические предки славян. Предки славян — гаплогруппы R1a, I1, I2, N1c1, плюс много минорных. Вот их ДНК-генеалогия и изучает.

>*Праарии и праславяне — это разные ветви.*

По языку в его нынешней классификации — да. По гаплогруппе — на две трети один и тот же род. Но если кто упорно отказывается понимать, это его проблема, не моя.

>*Миграции, конечно, заносили людей одной ветви на земли другой, смешивали их, переплетали. Гаплогруппы, выявляемые по индивидуальной биологической наследственности, помогают распутывать эти миграционные движения, но для истории народов и языков это вспомогательная дисциплина.*

Для кого как. Впрочем, отрадно, что уже хоть что-то начинает доходить.

*Анатолий А. Клёсов*

* * *

Общий комментарий.

Найдет ли кто в «замечаниях» Л. Клейна хоть что-то по сути «норманнского вопроса» и происхождения Рюрика, о чем и были в первую очередь мои заметки? Ничего нет, кроме *«факт успешного нашествия норманнов (скандинавов) на восточнославянские земли»*, на что я ответил данными ДНК-генеалогии, с гаплогруппами, ветвями, снип-мутациями, которые ясно показывают, что не было ничего значительного. Характерно, что в последующем Л. Клейн к этому уже не вернулся и не комментировал. Данные он не воспринимает. Норманисты, их стиль.

А о чем он тогда вообще делал комментарии? Да вот — о журнале, об этносах, об отсутствии славянского патриотизма — выдавая желательное за действительное, о тюрьме с лагерем — не сообщая, за что, о том, что я работаю на США, и что это «пикантно» — в общем, о чем угодно, только не по сути вопроса.

### *Ответ второй*

Прекрасно. Я признателен Л.С. Клейну за то, что он так подставляется. Это дает мне возможность постепенно подводить широкую аудиторию к пониманию сути ДНК-генеалогии, ее возможностей, пусть пока на этапе становления. Действительно, что такое пять-шесть лет для новой науки?

Есть еще одна польза от подобного обмена мнениями — это на хорошем примере методично показывать, как отживающее научное поколение пытается дискредитировать новые научные направления, оперируя устаревшими понятиями, не понимая сути того, чему пытается ставить палки в колеса, и не понимая смехотворность своих попыток. Колесо-то большое, уже не остановить, палка маленькая, малюсенькая, вызывающая снисходительную усмешку.

Ну ладно, для развлечения сойдет.

>*Если бы с каждым обновлением методологии та или иная дисциплина меняла свое название, то* (подставьте название науки — *А.К.*) *уже давно бы не существовала.*

Таки да, некоторые уже и не существуют, алхимия, например. Но чаще новые направления ответвляются, приобретают самостоятельное значение как новые научные дисциплины. И каждый раз представители «старой», назовем ее «классической», науки переживают это ответвление болезненно, протестуют, ставят те самые палки, убедительно показывают «нецелесообразность» нового названия нового научного направления, «некомпетентность» ее лидеров. Старо как мир. На этот счет есть несколько полушуточных замечаний. Одно — что коллега скорее использует зубную щетку, чем методологию коллеги. Другое — что новые научные направления не побеждают в борьбе, просто противники постепенно вымирают.

Вспоминается яростная борьба при становлении молекулярной биологии при концептуальном (и методологическом) отделении ее от биохимии, лет пятьдесят назад. Возражали, естественно, биохимики, особенно «истэблишмент». Это — биохимия, говорили они. Нельзя молекулярную биологию возводить в ранг отдельной, самостоятельной науки. Приводили массу убедительных доводов. Давили авторитетом, академическими званиями. Но в те времена в СССР было проще, если «наверху» была поддержка. Задача решалась в два хода — раз, создание специализированного научного института АН СССР (или на худой конец отраслевого); два, создание нового научного академического журнала. Вот так был создан Институт молекулярной биологии АН СССР (в 1965 г.), и журнал «Молекулярная биология» (в 1966 г.). Все, вопрос решен, поезд уже ушел.

И таких примеров — сколько угодно. Вспомним почти анекдотический случай, когда академик (тогда член-корр. АН СССР) Н.Н. Семенов создавал «под себя» Институт химической физики. Химию знали, физику знали, к физической химии было время привыкнуть, но вот «химическая физика»? Ничего, проглотили, когда в 1931 г. правительство приняло решение. Ну, типа, кто не согласен? Выходи по одному...

Переходим к нашему времени. Термин «ДНК-генеалогия» пять лет назад был встречен в штыки, теми самыми по-

пуляционными генетиками. Мотивы — те же: как же так, это непривычно, неправильно, такого слова нет, и вообще — надо все делать по правилам, начальник должен быть из нас, мы должны решать, а как же иначе? Но поскольку решения правительства СССР, пардон, России мне ждать было некогда, то пришлось принимать решения самому. В 2008 году я основал Академию ДНК-генеалогии, памятуя, что академия — это интеллектуальное содружество людей, обсуждающих свое (в данном случае) научное направление, и — как правило — выпускающее свое научное издание. Сейчас в Академии есть свои члены в России, Японии, США, Шотландии, а в журнале «Вестник Академии ДНК-генеалогии», который выходит ежемесячно в сетевом и бумажном издании, и уже вышло в аккурат 50 выпусков общим объемом около 10 тысяч страниц, где публикуются специалисты со всего мира — от Америки и Европы до Австралии с Новой Зеландией, статьи публикуются на разных языках — и русском, и английском, и словенском, и других. Отдельную рубрику ведет на своем языке шотландка, специалист по генеалогии, которая освоила ДНК-генеалогию и стала активным популяризатором новой науки.

Так вот, методология новой науки — совершенно отличная от таковой в популяционной генетике. И понятно почему — разные цели, задачи, направления, решаемые вопросы, используемые приемы в интерпретациях данных. ДНК-генеалогия — это в значительной степени химическая (биологическая) кинетика мутаций в ДНК и историческая интерпретация получаемых результатов. Кинетика — моя прямая специальность по образованию (я заканчивал кафедру химической кинетики под руководством Н.Н. Семенова в МГУ), биологи и прочие генетики этим аппаратом не владеют, и, как показывает опыт последних пяти лет, в основном овладевать и не хотят, или не могут, подготовка не та. Да и не нужно это им в рамках попгенетики. Они другие задачи решают. Например, почему у башкир одни типичные наследственные болезни, а у евреев другие. Это — типичные вопросы популяционной генетики. Потому что генетика, популяционная. Когда они пытаются рассчитывать по мутациям хронологию древних событий, получается только конфуз. Потому что рассчитывать не умеют, образование нет то, опыт работы в генетике не тот.

В 2009 году я уламывал редактора Journal of Genetic Genealogy оставить в статье (и в заглавии) слова «ДНК-генеалогия», потому что по его (бывшему) мнению «такого слова нет», и рецензенты тоже возражали. Ничего, уломал. Так и пошло, теперь серии статей идут с этим уже принятым в науке термином, на русском и английском и других языках, в академических журналах. А Л. Клейн — опять едет по своей колее:

>*А.А. Клёсов захотел возвести свои исследования по отрасли, называемой чаще всего популяционной генетикой, в ранг отдельной науки. Но остальные популяционные генетики не признали ни совершенство его методологии, ни статус отдельной науки за его ДНК-генеалогией.*

Так меня не интересует ни в малейшей степени, кто там «не признали». Известная, хоть и ничейная бабушка, тоже не признавала электричество, ну так что? Беспокоиться на этот счет будем?

Но у Л.С. Клейна его ментальные сторонники есть. В Википедии (на Клёсов Анатолий Алексеевич) до совсем недавнего времени у слова «ДНК-геналогия» стояло примечание редактора «термин в науке неизвестен», и это несмотря на то, что вокруг в той же статье Википедии — масса названий статей из академических журналов, в названии которых стоит «ДНК-генеалогия». Сейчас, правда, примечание убрали. Дошло.

>*Возможно, популяционная генетика тоже не самое удачное название (гаплогруппы выявляются по негенным областям хромосом).*

Ну, слава Всевышнему, уже начало доходить.

>*Клёсов считает свою ДНК-генеалогию исторической наукой, по аналогии с генеалогией. Но генеалогия является вспомогательной исторической дисциплиной...*

Советую повторить по складам: ДНК-генеалогия. Не просто «генеалогия». Порой, или даже часто добавление слова меняет смысл. Советую повторить по складам: «Государь», и «милостивый государь». Как, дошло?

И вообще, опять пошла писать губерния — «вспомогательная», «не вспомогательная», да еще о генеалогии как та-

ковой, «науке о семье». Л. Клейн о ДНК-генеалогии понятия не имеет, а туда же. Ну, не смешно?

Но мне не жалко. Пусть историк для начала считает ДНК-генеалогию дисциплиной вспомогательной. А когда разберется, там видно будет. Мне не шашечки нужны, а ехать.

*>Методология введенная А.А. Клёсовым, пока остается в части датировок недостоверной, а от датировок очень многое зависит.*

Занятно, а что Л. Клейн знает о методологии ДНК-генеалогии в отношении датировок? Я отношусь к той категории научных сотрудников, которые считают крайне неэтичным высказывать публично мнение, особенно негативное, о том, в чем высказывающий не имеет понятия. Л. Клейн, видимо, исповедует другую этику.

Подскажу. В журнале Advances in Anthropology («Успехи антропологии») у меня (с коллегой) вышла статья в 2011 году, в которой на примере 3160 гаплотипов (три тысячи сто шестьдесят), представляющих 55 генеалогических линий, многие из которых подтверждены документально, включая документальные датировки, и которые относятся к восьми разным гаплогруппам, проведена иллюстрация достоверности методологии именно в части датировок. Эта статья, по данным Google Scholar, скачана 1237 раз (http://www.scirp.org/journal/HottestPaper.aspx?JournalID=737), что совсем немало для академического журнала. Кстати, линк выше показывает пять наиболее популярных статей в журнале, из которых четыре мои (частью с соавторами), а пятая, статья специалиста по происхождению курдов, содержит 8 ссылок на мои работы, и вся, начиная с Абстракта, набита отнесениями к моим исследованиям.

Так что делать будем? В том числе со словами Л. Клейна, что на меня не ссылаются? Куда отнесем, в какую человеческую (поведенческую) категорию? Ложь? Очернительство? Инсинуации? Невежество?

*>Если вторжение гаплогруппы R1a в Индостан происходило действительно во II тыс. до н. э., то это арии (по крайней мере, та их часть, которая вторглась), если же внедрение ее в Индостан произошло на несколько тысячелетий*

*раньше, то это не арии, а их местный субстрат, который значительно раньше распространялся, возможно, оттуда на Восточно-Европейскую равнину.*

У меня для Л. Клейна есть новость. В Индостане есть обе группы носителей R1a. Одни — «местный субстрат», что, наверное, можно так назвать при условии соответствующих определений, которые прибыли в Индостан примерно 12 тыс. лет назад. Вторые — «индоевропейцы», арии, которые датируются по гаплотипам 3850 лет назад, но это датировка их общего предка, который, видимо, еще жил на Русской равнине. Эти две группы кардинально различаются по гаплотипам, хотя обе группы — R1a. Гаплотипы первых испещрены, изобилуют мутациями по сравнению с гаплотипами вторых. Это и показывает разбег мутаций от гаплотипа первопредка в каждой группе, и дает при расчетах те самые 12 тыс. и 3850 лет. «Оттуда», то есть из Индии, эти самые древние R1a на Русскую равнину напрямую не приходили, нет у русских таких гаплотипов. И вообще носители этих древнейших R1a живут в основном племенами в джунглях. А вторые — занимают высшие касты, их там до 72%, по индийским же данным. Теперь понятнее, что может дать ДНК-генеалогия исторической науке? Пусть «вспомогательно», мне, повторяю, все равно, как это называть.

*>Европа вообще накрывается двумя родственными доминантными гаплогруппами — R1a и R1b. Первая охватывает значительную часть Восточной Европы (но без южных славян), вторая — Западную Европу, граница проходит по Германии. Это остатки очень древнего, видимо, доиндоевропейского заселения. Признавать одну из них славянской или арийской никакого резона нет.*

Первая часть в целом правильно, не будем придираться по мелочам. И то, что R1b (эрбины) в древности, до 1 тыс. до н.э., были «доиндоевропейцами», тоже представляется правильным, я об этом немало писал и обосновывал. Баски, например, до 92% — носители R1b, возможно, у них сохранился древний доиндоевропейский язык эрбинов, хотя с этим еще много работать надо, именно лингвистам. Но практически все R1a в Европе, которых там около 40 ветвей гаплогруппы R1a, практически все — выходцы с Русской равнины на запад в те-

чение 1 тыс. до н.э. — первой половины 1 тыс. н.э. В этом отношении они — потомки ариев, праславян, как угодно называйте, поскольку и первые, и на две трети вторые относятся к одному и тому же роду, R1a. Это — относительно недавние данные, так что усваивайте и привыкайте к новой парадигме.

*>Где был очаг германского этногенеза — в Швеции или Дании с Северной Германией, пока неясно. Скорее во втором из названных очагов. Оттуда и можно прослеживать источник норманнских вторжений.*

Понятия «этногенез» в ДНК-генеалогии как такового нет, она этносами не занимается. Германский этнос — это комбинация четырех основных (на территории Германии) гаплогрупп — R1b, R1a, I1 и I2. У каждой — своя история. Переход от истории гапогрупп к «этногенезу» требует осмысления, и вот здесь историки могли бы вскрыть новые пласты знания. Но при условии содружества, и в готовности к компромиссам. Другого не будет.

*>«Рода» Клёсова — это модернизированные расы. Их связь с языками, этносами, социальными общностями и т. п. такая же. И точно так же их опасно класть в основу истории.*

Написана, конечно, бессмысленная ерунда. И тавтология здесь к месту и по сути. Расы — продукт слияния ДНК мужчин и женщин, плюс естественный (в основном) отбор, отражающий влияние климатических условий, условий жизни и прочее. Род, или гаплогруппа в ДНК-генеалогии, определяется метками в Y-хромосоме, влияния женщин там нет, влияния климатических условий и прочего тоже нет. Это — набор практически необратимых меток в Y-хромосоме, которые тянутся от приматов и их предков. Недавняя моя (с коллегами) статья в том же журнале Adv. Anthropology показывает, что многие мутации в Y-хромосоме современного человека сохранились на протяжении миллионов лет, от общих предков с современными гориллой, макакой, шимпанзе.

Некоторые рода современного человека образовались еще 160 тыс. лет назад, некоторые (европеоиды) — имеют общего предка 60 тыс. лет назад, и эти рода дробятся и расходятся до 20 тыс. лет назад и далее, вплоть до настоящего вре-

мени. Ну, и где там «расы», пусть и «модернизированные»? Про связь с этносами я уже пояснил, нет там прямой связи, хотя опосредованная есть, есть некие корреляции, разные в разных случаях. Связь с языками где есть, где слабо выраженная, где практически нет. И вот рассмотрение этих разных вариантов и есть весьма информативно и познавательно. Что такое «класть в основу истории» я не знаю, какая-то не очень толковая фигура речи.

*>Клёсов угрожает мне, что мое утверждение об отсутствии общеславянской расы, политики, религии и культуры он повторит в Сербии, и это вызовет шквал возмущения. Вполне возможно. Но я предлагаю ему провозгласить свои возражения в Польше, Чехии или Хорватии.*

Ерунду говорит Л. Клейн, выдает желаемое за действительное. Может, не обязательно желаемое, но отражает его «структуру мозга». Я больше 20 лет живу в США, и могу засвидетельствовать, что общение с поляками, чехами, сербами, словаками, словенцами, хорватами, болгарами и прочими славянами, как правило, имеет характер особенно братского общения. Сколько раз при этом подчеркивалось, со стороны всех перечисленных, что мы — славяне. Подозреваю, что Л. Клейну это просто не понять. Надеюсь, это не нуждается в пояснении.

*>Клёсов обычно очень эмоционален и многословен.*

Пусть так. В науке надо жить страстями. Это — хрестоматийная фраза, и думаю, не надо напоминать, откуда она. Во-вторых, я сейчас, в этом ответе, продолжаю заниматься просветительской деятельностью. Это негативист обычно краток. Облить грязью можно и на ходу, ничего не понимая в предмете, как видно из комментариев моего оппонента. А вот для донесения знаний часто нужны довольно детальные лекции. И даже после них Л. Клейн не схватывает, что показало общение с ним.

Так что не надо кокетничать, это я уже ранее говорил. Надеюсь, кое-что Л. Клейн для себя из этого обсуждения вынес. Потому что если не вынес, то дело действительно безнадежное.

На этом и подведем.

В общем, отвечать уже неинтересно. Λ. Клейн не хочет признать, что проиграл вчистую. Это с его стороны уже голое упрямство, только не в то время и не в том месте.

Напомню, с чего все началось. Λ. Клейн вдруг написал в своем пасквиле, что меня никто не цитирует. Это был роковой шаг с его стороны. Или выстрел в свою ногу, кто как это трактует. Пришлось ему объяснить, что цитируют, дать линк на список наиболее популярных статей журнала Advances in Anthropology, в котором из пяти таких статей четыре моих, а в пятой — гроздья ссылок на мои работы.

Ну, что должен сделать в такой ситуации приличный человек? Да, совершенно верно. Повиниться. Сказать, что бес попутал. Или что информаторы плохие. Или начитался лживых сетевых материалов. Что незнаком с предметом.

Что стал делать Λ. Клейн? Выбрал самый глупый и недостойный вариант, и стал погружаться все глубже и глубже. Все видят, каков modus operandi норманистов, они же норманнофилы. Не признавать своих заблуждений, упираться, закрывать глаза на факты, на доказательства, на любые основания, выдвигаемые оппонентом. Я привожу убедительные ДАННЫЕ, что дерево гаплотипов, куда попадают русские Рюриковичи гаплогруппы N1c1, князья, члены Российского Дворянского собрания, расходится на две половины. В одной сплошь финны, которые к Рюриковичам не имеют никакого отношения. В другой половине — в подавляющем большинстве славяне, и те шведы-датчане-норвежцы, которых в этой гаплогруппе на самом деле совсем немного, тоже имеют славянское происхождение, и оказываются на славянской половине дерева. И там же, повторяю, русские князья, все на своей, славянской половине в окружении русских фамилий, а также прочих славянских — украинских, белорусских, польских, литовских. Вывод — их общий предок был славянином по происхождению.

Отреагировал хоть как на это Λ. Клейн? Сказал спасибо за новые данные? А ведь таких до сих пор не было. Попытался опровергнуть? Хоть как-то прокомментировать? Да что вы, это же ведь историк той самой формации, которые

на факты внимания не обращают, если факты им не нравятся. Делают вид, что никаких этих фактов нет. Теперь все, кто хоть как-то уважал «историков» этой формации, или о таком даже не подозревал, думал — «ученые ведь, в белых одеждах», теперь все видят, как они работают. И не только так сами работают, а ведь и других учат, заставляют, принуждают. Подобные школы создают. Изолгались вконец. Есть, разумеется, честные историки, но им, как правило, вот такие жить не дают.

Поехали дальше. Перешел я от гаплогруппы N1c1, южнобалтийской, к гаплогруппе R1a, и показал, что никаких скандинавов на Руси не было, были опять же славяне. Потому что в Скандинавии есть четко выраженные гаплотипы R1a, которые сразу заметны, у них структурные характеристики в глаза бросаются. Так вот, нет среди славян таких. На Британских островах есть, в Западной Германии есть, в Голландии есть, а вот в России нет. Или есть столько, что совсем незаметны, может, на уровне долей процента. Не может быть такого, чтобы доли процента так и остались, с IX в. н.э. Да, собственно, говоря, и этих долей нет. И вот опять я дал ФАКТЫ, перечислил эти ветви гаплотипов R1a, скандинавские и славянские, исконные, индексы ветвей привел, не просто так. Отреагировал хоть как-то на это Л. Клейн? Сказал спасибо за новые данные? Попытался опровергнуть? Хоть как-то прокомментировать? Да что Вы, это же ведь историк той самой формации, которых факты не интересуют.

И далее — в том же духе. Я пишу в информационном ключе, Л. Клейн — в «критическом», только цену этой «критики» мы уже видели.

Ну, и какой смысл с ним дальше что-то обсуждать? Я даю материал, а он пытается замотать по всему полю.

Ну вот опять. Сочинил очередные шесть пунктов заматывания. Ни один не включает ответы, комментарии по тем самым фактам. Есть смысл продолжать? Был бы он девушкой, можно было бы поболтать, на завалинке посидеть, авось что обломится. А так?

С первого пункта — уже ложь. Что, вот так и продолжать, за руку каждый раз хватать? Ну хорошо, схвачу. Л. Клейн пишет: *С А.А. Клёсовым я и не думал бороться, я вообще о нем не знал ничего.*

Хорошо, открываем «Вестник ДНК-генеалогии» за 2011 год, том 4, №1, с. 61. Там приведено следующее (после моего разбора фрагментов из книги Л. Клейна):

> *Перед публикацией я направил эту статью Л.С. Клейну. Через несколько часов получил ответ:*

(...)

> *— Уважаемый Анатолий Алексеевич... Ваше имя мне известно.*

Так все-таки «*я вообще о нем не знал ничего*», или «*Ваше имя мне известно*»?

Ну что мне, так и гонять Л. Клейна по всему полю?

Да и вообще, обратите внимание на стиль. Я ему факты, он про то, кто кому известен. По сути — ничего существенного, все мелким бесом по оврагам да буеракам. Да кому интересно, кто про кого что знал? Мы что, об этом дискутируем? При чем здесь цитирование, при чем здесь «профессионалы популяционной генетики», при чем здесь все эти мелкие пассы, чтобы только от сути уйти? При чем здесь то, что у славян разных этносов нет «единой политики»? Что, эта «единая политика» у русских есть? Это что, аргумент? И вот так — буквально во всем. Какие-то надуманные, из пальца высосанные «аргументы», только бы по всему полю побегать, только бы замотать.

Короче, этот пункт — ложь, и кроме лжи там ничего нет.

>*Клёсов проводит аналогию между сменой алхимии на химию и борьбой популяционной генетики с ДНК-генеалогией. Но алхимия и химия различаются кардинально, только вторая применяет научный метод, а у первой им и не пахло. Они и не спорили между собой. А те две отрасли, которые Клёсов противопоставляет, обе претендуют на научный метод, различия в методологии у них тонкие, тут есть о чем спорить.*

Здесь опять попытка замотать. Не знает Л. Клейн ничего о ДНК-генеалогии, поэтому его комментариям грош цена. Да и не проводил я никакой аналогии. Речь шла о примерах смены названия науки. А здесь не смена названия, а отход другой дисциплины, как я рассказывал выше об отходе молекулярной биологии от биохимии. Где там «смена»? Нечего и обсуждать.

*>По оценке Клёсова у популяционных генетиков «расчет по мутациям хронологии древних событий приводит только к конфузу». Но это предмет споров и решать его должны биохимики, занимающиеся популяционной генетикой.*

Опять попытка замотать. Я и есть биохимик, который занимается ДНК-генеалогией. Причем здесь попгенетика? Поэтому — слушать сюда, когда речь о ДНК-генеалогии.

*>И расы и гаплогруппы (митохондриальные и по хромосоме Y) — биологические общности. Функция их изучения в историческом исследовании — такая же как антропологии: вспомогательная.*

Опять пустая говорильня. Вспомогательная, не вспомогательная. А судьи кто?

*>Понимаю, что все это слышать Вам неприятно.*

Опять болтовня.

Дорогой Лев Самуилович, не стоит писать, что мне это неприятно. Опять Вы за свое. Я-то как раз получаю большое удовольствие. Уж как там Вам — мне неведомо, поэтому я и не пишу.

На этом и подведем.

*Анатолий А. Клёсов*

# Глава 16

# БЕРЕГИТЕСЬ ПОПУЛЯЦИОННЫХ ГЕНЕТИКОВ В ИСТОРИЧЕСКИХ «ИССЛЕДОВАНИЯХ»

Предваряя главу таким названием, автор вовсе не имеет в виду, что все работы в области популяционной генетики ошибочные и совершенно бездарные. Нет, если они выполнены правильно, и вопросы поставлены правильные, и методология правильная, и альтернативные варианты ответов рассмотрены и последовательно и обосновано отведены, то с ними, этими работами, и их авторами все в порядке.

Беда в том, что такие работы мне лично пока не попадались, если они относились к рассмотрению древних миграций человека, истории популяций, датировок древних (или не очень древних) популяций, и даже корректных характеристик популяций, хотя уж последнее-то популяционные генетики должны уметь делать.

Видимо, либо статьи с корректным анализом популяционных генетиков мне как-то не попадались, хотя я их читаю десятками, либо у меня другие представления о понятии «корректный анализ». И дело не во мне лично, поскольку мои коллеги с подобным естественнонаучным образованием, как и у меня, пришли к тому же мнению относительно современного круга популяционных генетиков. Что-то системное с ними, современными попгенетиками, с уровнем их мышления, их школой, их ценностями в науке.

На днях коллега по международному форуму RootsWeb в полушутливой (но и в полусерьезной) форме предложил мне не нарушать традиций популяционной генетики (в том, что они называют «генетической генеалогией») и не требовать от попгенетиков доказательств выдвигаемых ими положений (в том случае это касалось Чингисхана, которому совершенно бездоказательно приписывают гаплотип, который якобы в

больших количествах распространен по Евразии). Он сформулировал это в следующем виде: «The tradition requires to accept claims without evidence. Without this tradition the field of Genetic Genealogy couldn't exist. It's when you have evidence, then you have a problem. Evidence makes it is virtually impossible for a proposal to even get considered. So Genghis Khan, it is. Period. «Everyone knows that». There is no evidence around to complicate things».

В переводе это звучит примерно так: *«Традиция (популяционной генетики) требует принимать положения без каких-либо доказательств. Без этой традиции область генетической генеалогии не может существовать. Напротив, когда у вас есть доказательства, вы создаете себе проблемы. Доказательства делают ваши положения практически невозможными для рассмотрения (попгенетиками). Так что (это гаплотип) Чингисхана. Точка. «Любой это знает». То, что к этому нет доказательств, делает ситуацию значительно проще и понятней».*

Шутки шутками, но устойчивая неспособность (или нежелание, или отсутствие добротной академической школы) к рассмотрению альтернативных вариантов гипотез является яркой отличительной особенностью современной популяционной генетики (точнее, современных популяционных генетиков) как в России, так и в других странах. Поражает примитивность «академических» статей попгенетиков, выхватывание одного какого-то фактора из совокупности многих, подгонка выводов под устоявшиеся положения, страх к свежим выводам и новым концепциям. Гаплотипы, при всем богатстве информации, в них заключенной, даже не рассматриваются. Поразительно, но во всей объемной книге Балановских «Русский генофонд на Русской равнине» (2007, 416 с.) не рассмотрено ни одного (!) гаплотипа. Это — современная популяционная генетика. И это при том, что к году выхода книги гаплотипы уже вовсю изучались и публиковались по меньшей мере десяток лет. Иначе говоря, авторы шли на публикацию заведомо устаревшей книги.

Устойчивая настороженность к подходам и выводам современной популяционной генетики у автора настоящей статьи появилась с самого начала возникновения их «теорий». Оказалось, что их «теории» и «выводы» очень часто осно-

ваны практически ни на чем. На чем, например, был основан вывод, за который попгенетики держались много лет — что носители гаплогруппы R1b якобы жили в Европе 30 тыс. лет назад? Я скажу, на чем — на том, что люди в Европе действительно жили в те времена. И они были просто «с потолка» отнесены к гаплогруппе R1b. Почему, на каком основании? Да на том, что они СЕЙЧАС там живут. И потому что в Европе 30 тыс. лет назад жили кроманьонцы. А почему тогда именно гаплогруппа R1b? А потому. Потому что и сейчас там живут, наряду, правда, с десятком других гаплогрупп. Но те какие-то несимпатичные.

А поскольку попгенетики обожают «теорию палеолитической непрерывности» без ее критического осмысления, то из нее следует вывод, характерный для уровня мышления попгенетиков — раз живут сейчас, значит, жили раньше, и 30 тыс. лет назад. Непрерывность же, не так ли?

Кроме этого примитивного положения, НИ ЕДИНОГО основания к этим пресловутым 30 тыс. лет для гаплогруппы R1b в Европе выдвинуто не было — в том числе «отцами-основателями» — Хаммером, Семино (мать-основатель), Уэллсом и другими. Вот, например, цитата из книги Уэллса (Spencer Wells, «Deep Ancestry», 2006): «*Around 30,000 years ago, a descendant of the clan making its way into Europe gave rise to marker M343, the defining marker of haplogroup R1b. These travelers are direct descendants of the people who dominated the human expansion into Europe, the Cro-Magnon*». То есть, что 30 тыс. лет назад образовалась гаплогруппа R1b, прямой потомок европейских кроманьонов. На основании чего получена датировка 30 тыс. лет назад для гаплогруппы R1b в Европе, и что якобы она была потомком кроманьонского человека? Анализировались гаплотипы носителей гаплогруппы R1b в Европе? Считались и рассчитывались мутации в гаплотипах? Проводились соответствующие экстраполяции? Нашли ископаемые гаплотипы R1b в Европе? Ничего этого и близко не было. Это — беспардонная ложь, если говорить напрямую. Цифра просто была придумана, и вошла в справочники. Придумано и про потомков кроманьонцев. Это — популяционная генетика, ее методология. На самом деле расчеты по гаплотипам гаплогруппы R1b в Европе показывают, что гаплогруппа появилась в Европе в разных местах в интерва-

ле от 4800 до 4500 лет назад, видимо, прибыв по нескольким направлениям, все исходно из Азии. Никаких R1b среди кроманьонцев отродясь не было.

Откуда у попгенетиков выводы, повторяемые много раз, что гаплогруппа R1a появилась 15 тыс. лет назад в южнорусских степях и пережидала ледниковый период в неком «украинском убежище»? Это приводится, в частности, в той же книге Wells, но откуда это появилось, на основании каких данных — ни слова. Цитирую: «*Sometime between 10,000 and 15,000 years ago, a man of European origin was born in present-day Ukraine or southers Russia*». Перевод: «Когда-то между 10 и 15 тысяч лет назад мужчина европейского происхождения родился на территории нынешней Украине или южной России». Несколько ранее, в статье 2001 года (Wells et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 98, No. 18, 10244-10249), относительно R1a-M17 он же писал — «*M17... with an inferred age of ~ 15,000 years... originating in Southern Russia/Ukraine*». То есть «(мутация) M17 с предполагаемым возрастом примерно 15 тысяч лет... появилась в Южной России или Украине».

Дело вовсе не в том, что статья старая, и что дело давнее, и что все ошибаются. Естественно, в науке ВСЕ ошибаются в той или иной степени. Вопрос не в этом, а в том, откуда данные цифры появились? Анализировали гаплотипы, считали мутации? Естественно, нет, этого они делать не умеют. Просто шли на элементарную подтасовку, основывались не на гаплотипах, не на расчетах, а подгоняли под «общие соображения», выдавая это за науку. Это тоже популяционная генетика.

Именно потому, что анализировать гаплотипы попгенетики не умеют, появились якобы данные, что гаплогруппа R1a имеет «наибольшее разнообразие» на Украине, и там, само собой, ее «прародина». Никаких данных на этот счет опубликовано не было, никакого разнообразия не представлено. Но понятие «украинская гаплогруппа R1a» уже пошло в ход. Wiik в своей статье («Where did European men come from?», J. Genet. Geneal., 2008) повторил слова «украинская гаплогруппа R1a» 37 раз, я не преувеличиваю. На самом деле никакой древности гаплогруппы R1a на Украине нет, возраст практически один — что в Польше, что на Украине, в Белоруссии, в России. Никаких оснований называть гаплогруппу R1a «украинской», «польской» или «русской» нет.

Но Wikipedia продолжает эти «трактовки» предлагать и сегодня. Вот, например: «The European distribution of Y-chromosome haplogroup R1a has been suggested to have occurred as a result of receding glacial activity allowing males bearing the lineage from the present day territory of Ukraine to migrate and gradually populate central, northern, and western Europe».

Перевод: «*Было предположено, что распределение гаплогруппы R1a в Европе оказалось результатом ухода ледников, что позволило носителям этой гаплогруппы мигрировать с территории Украины и постепенно заселить Центральную, Северную и Западную Европу*». Что было основанием для такого предположения? Судя по описанию, речь идет о временах примерно 12 тыс. лет назад. Откуда на Украине такие датировки для гаплотипов гаплогруппы R1a? Нет таких данных, и не было. Что за работа? Ответ — ссылка на статью Passarino et al, 2002 года в Eur. J. Hum. Genet. Сущие фантазии, ничем не подкрепленные. Популяционная генетика.

С гаплогруппой R1b в Wikipedia не легче. Цитата: «It has been proposed that males from Haplogroup Hg P*(xR1a1) or R1b (Y-DNA) repopulated most of Europe shortly after the Last Glacial Maximum, related to population expansions out of the Franco-Cantabrian region (see also Ahrensburg culture)».

Перевод «*Было предложено, что гаплогруппа R1b перезаселила большую часть Европы вскоре после последнего ледникового максимума, за счет экспансии популяции из Франко-Кантабрианского региона (см. также аренсбургскую культуру)*».

К сведению, аренсбургская культура — это верхнепалеолитическая культура на севере Европы, распространенная около 11 тыс. лет назад на восток вплоть до Волги. То, что 11 тыс. лет назад носители R1b могли быть на Средней Волге, продвинувшись с востока — не исключено, но причем здесь Франко-Кантабрианский регион? Ответ, впрочем, ясен — пытались привязать басков, но без анализа гаплотипов. Если бы гаплотипы проанализировали — получили бы 3600 лет назад, но никак не 11 тыс. лет назад. R1b появились в Европе только через 6 тыс. лет. Кто автор сей работы? Ответ: Dupuy, статья 2006 года в журнале *Forensic Science International.* Чистые фантазии. Вот такая популяционная генетика.

Популяционные генетики Кивисилд и Виллемс активно доказывают, что гаплогруппа R1a появилась в Индии, и оттуда ее носители ушли в Европу. Это они повторяют и в 2011 году, хотя уже известны более «глубинные» субклады гаплогруппы R1a, причем известно, что хронология субкладов идет на понижение (то есть ближе к нашему времени) при переходе их носителей от Европы через Русскую равнину, и далее в Среднюю Азию, Индию, Иран. Не могли эти субклады идти против течения времени из Индии в Европу. Откуда такие «выводы»? Оттуда, что считали мутации «по Животовскому» (см. следующий абзац и далее в настоящей главе), завышая времена в три раза, и получая в Индии 12 тыс. лет вместо правильных 4 тыс. лет для времен жизни общих предков «индоевропейцев». Они, Кивисилд и Виллемс, слышали, что R1a в Европе имеет возраст 4—5 тыс. лет, вот и получается, что это из Индии пришли в Европу, потому что 12 тыс. лет в Индии старше. А все потому, что поленились посчитать сами возраст R1a в Европе, хотя бы для сравнения, тогда получили бы «по Животовскому» в Европе 15 тыс. лет, старше, чем в Индии. А если бы считали в Индии правильно, нашли бы, что там на самом деле несколько популяций R1a, одна — «индоевропейская», возрастом примерно 4000 лет, и другая — древние мигранты с востока, с Гималаев, из Северного Китая, из Южной Сибири. В Индию R1a пришли в основном двумя путями — с востока, примерно 12—10 тыс. лет назад, и с севера, арии, примерно 3500 лет назад. Но популяционные генетики так считать не умеют.

Популяционный генетик Л.А. Животовский нанес трудно поправимый вред своей науке, введя совершенно искусственные «популяционные скорости мутаций». Они имеют совершенно узкое и практически нереальное применение, базируются на нереальных предположениях и допущениях, и фактически завышают времена жизни общих предков популяции в 2,5—3 раза (см. далее в настоящей главе). Более того, чтобы «обосновать», что эти ложные «популяционные скорости мутаций» применимы к реальным системам, Л.А. Животовский произвел откровенную подгонку данных, меняя состав изучаемых серий гаплотипов, меняя полученные «скорости мутаций» и подтягивая цифры к желаемым, и приводя названия популяций, которые он якобы анализировал, а

на самом деле НЕ анализировал. Это все было объявлено как доказательство применимости «популяционной скорости мутации». Подробное рассмотрение этих манипуляций — в последующем разделе настоящей главы, а также в работах «Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни» (Клёсов, 2009), и в статье в журнале Human Genetics (Klyosov, 2009).

Понятно, что все могут ошибаться, и от ошибок никто не застрахован, в том числе и в науке. Собственно, наука и развивается так, что при взгляде назад можно увидеть цепь ошибок, которые были вызваны отсутствием важных данных, и соответственно неверными, неполными, и просто ошибочными интерпретациями. В науке это — нормальное дело. Но я здесь говорю про другие ошибки, которыми изобилует популяционная генетика, а именно отсутствием умения и желания анализировать ИМЕЮЩИЕСЯ данные, рассматривать альтернативы, отсутствием способности рассматривать имеющиеся данные в совокупности, сравнивая их и сопоставляя. Примеров — масса. Собственно, практически каждая статья в области «популяционной генетики человека», выходящая в настоящее время в «академических» журналах, включая Доклады Академии наук США, Доклады Британского королевского общества, не говоря о специализированных журналах в области генетики человека и популяционной генетики, представляет собой нагромождение нелепиц. Это — бич современной популяционной генетики.

Причина, на мой взгляд — отсутствие разумной, критической, добротной современной школы в популяционной генетике человека, в той ее части, которая занимается изучением истории человечества на основе гаплогрупп и гаплотипов Y-хромосомы и мтДНК. Соответствующие примеры нелепиц мы разбираем почти в каждом выпуске «Вестника Академии ДНК-генеалогии», не для того, чтобы научить попгенетиков, это бесполезно, они уже необучаемы, но для того, чтобы на их примерах учить молодых ученых, как не надо анализировать данные, и как надо это делать.

Работа по переделке материала и выводов статей попгенетических авторов практически бесконечна, потому что, повторяю, они безграмотны, в них сильно заметно отсутствие

нормальной научной школы. Поэтому дело не столько в популяционной генетике, сколько в популяционных генетиках.

Но, как говорил Козьма Прутков, порой и терпентин на что-нибудь полезен. Работа с этими статьями шлифует методологию ДНК-генеалогии, позволяет получать новые результаты и выводы, по ассоциации привлекаются новые материалы, которые опять же анализируются. Далее, в их статьях приводятся фактические данные, гаплотипы и гаплогруппы, из которых попгенетики делают, как правило, совершенно примитивные и неверные выводы, но сам фактический материал можно использовать. Ссылки на эти фактические материалы я всегда даю. Так что как собиратели материала, как техники-лаборанты попгенетики приносят несомненную пользу. Сами же статьи их лучше не читать, а если читать, то понимая, что их интерпретации, и вообще раздел «Обсуждение результатов» в каждой статье надо пересматривать заново. Тогда все в порядке.

После такого введения рассмотрим несколько примеров анализа данных попгенетиками, то, какие выводы они делают, и то, какие выводы на самом деле стоило было бы сделать, если вместо «популяционной генетики» приложить подходы ДНК-генеалогии.

### *Анализ литовской популяции как это делает попгенетика и как — ДНК-генеалогия*

Статья довольно старая, 2004 года (Kasperavičiūtė et al, 2004). Но она опубликована в заслуженном журнале Annals of Human Genetics, в ее авторах — известный популяционный генетик M. Stoneking, и сама статья — о гаплотипах литовцев, близкая нам популяция.

Статья, на мой взгляд, не особенно интересная, и единственное, что в ней привлекает внимание, это то, что она ставит задачу показать происхождение современной популяции литовцев. Собственно, это и должна была быть главная задача статьи, это же вынесено в резюме статьи: *to address questions about the origin... of the present day population*. Посмотрим, к какому выводу пришли авторы и как они это сделали.

Ответ, собственно, уже дан в самом резюме статьи: *an analysis of molecular variance confirmed the homogeneity of the Lithuanian population*. То есть анализ некого «молекулярного разнообразия» подтвердил гомогенность современной популяции литовцев. Вот это уже интересно. Мы привыкли к тому, что в любой популяции есть свои ДНК-генеалогические ветви, что любая популяция состоит из разных гаплогрупп, то есть первичных родов, что любая популяция в этом отношении гетерогенна, просто одни популяции более гетерогенны, чем другие.

Поэтому крайне странно, что литовская популяция провозглашается «гомогенной». На самом деле по данным самих же авторов среди 196 изучаемых гаплотипов мужчин-литовцев к гаплогруппе R1a относилось 88 человек (45%), к N1c1 — 72 человека (37%), к сводной гаплогруппе BR*(xDE, JR) — это, видимо, в основном гаплогруппа I — 20 человек (10%), к гаплогруппе P*(xR1a) — это, видимо, в основном гаплогруппа R1b — 10 человек (5%), плюс минорные гаплогруппы DE (5 человек, или 2,6%) и K*(xN1c1, P) — 1 человек. Какая же здесь «гомогенность», когда доминирующая гаплогруппа (R1a) охватывает менее половины мужского населения?

Как водится у попгенетиков, авторы посчитали «разнообразие» (diversity) — некий полуколичественный параметр — всех гаплогрупп, и нашли, что он равен 0,653±0,020, У эстонцев он оказался равен 0,741±0,012, у латышей 0,667±0,021, у русских 0,712±0,031. Иначе говоря, вариации по гаплогруппам у литовцев были несколько меньшими по сравнению с другими перечисленными популяциями. Тем не менее, хороша «гомогенность».

Оказывается, под «гомогенностью» авторы подразумевают, что все шесть основных этнолингвистических групп литовского населения неоднородны одинаково, никакая при этом не выделяется в ту или иную сторону. Они гомогенны в своей неоднородности. И это понятно, потому что по сообщению самих же авторов они, эти этнолингвистические группы, образовались в ходе последнего тысячелетия, когда гаплогруппы были уже перемешаны. Так что вопрос о «происхождении современной литовской популяции» остался пока без ответа, перейдя в другую плоскость — что эта популя-

ция была уже перемешана тысячу лет назад. О происхождении это, конечно, ничего не говорит.

Далее авторы занялись гаплотипами в 9-маркерном формате, и началась типичная попгенетическая фантастика. Авторы отметили, что среди 196 гаплотипов 123 являются разными. Стало быть, 73 гаплотипа повторяются, причем что это знание дает — авторы, конечно, не представляют и об этом не пишут. Ответ — не дает ничего, кроме пустых цифр. Авторы нашли, например, что среди 88 гаплотипов гаплогруппы R1a у литовцев 56 гаплотипов были «уникальными» («дистинктными»), и семь из них были «наиболее одинаковыми»,

13 25 16 11 11 14 X X X 13 11 30

(переписаны здесь в формате FTDNA для 12-маркерных гаплотипов). Эти семь, как пишут авторы, составляют «3,6% от всех Y-хромосом в литовцах» (то есть 7 из 196), не понимая, что фраза эта лишена какого-то либо определенного смысла и никому в таком виде не нужна. Но «так принято», потому что разделить одно на другое несложно, а потом записать и отправить в статью, а зачем — это уже не важно.

По секрету — из этой информации уже можно определить возраст гаплогрупп по популяциям, но попгенетики об этом не имеют ни малейшего понятия. Как определить — будет пояснено ниже.

То же самое относится и к гаплотипам гаплогруппы N1c1 у литовцев, для которых авторы нашли, что из 72 человек четверть (то есть 18 человек) имеют идентичные гаплотипы

14 23 15 11 11 13 X X X 14 14 30.

Авторы опять записали бессмысленную «информацию», что это составляет 22,4% от всех литовских Y-хромосом (разных гаплогрупп).

То, что написано в обсуждаемой статье популяционных генетиков, причем написано совершенно безосновательно: «Alternatively, the Baltic tribes from which modern Lithuanians originated may have been genetically homogeneous», не соответствовало действительности. Перевод: «*Как вариант, бал-*

*тийские племена, из которых образовались современные литовцы, были генетически гомогенными».* Мы уже знаем, что под «генетически» авторы понимают гаплотипы и гаплогруппы. На самом деле у авторов нет никаких конкретных данных о древних балтийских племенах, и данные статьи об этом совершенно не говорят. Датировки, полученные в статье, неверны (см. ниже), интерпретации — сплошное недоразумение. Популяционная генетика.

Вместо обоснованных и информативных расчетов авторы обсуждаемой статьи зафиксировали, что «gene diversity based on 9 STR loci was 0,985±0,004». Для начала, никаких gene, то есть «генов», в этих 9-маркерных гаплотипах нет. Это просто небрежный, вульгарный сленг. Речь идет о негенных, нерекомбинантных фрагментах ДНК. Далее, разнообразие, по понятиям авторов, высокое, и не мудрено, для разных-то гаплогрупп. А вот в пределах гаплогруппы N1c1 у литовцев разнообразие по данным авторов было минимальным — 0,915±0,023. Опять остается загадкой, зачем все это считать, потому что ни для чего дальше эти цифры в статье не используются, не применяются и не анализируются. В рамках ДНК-генеалогии ясно, что такие цифры связаны (прямо или косвенно) с возрастом популяции, но поскольку здесь смешаны в кучу серии гаплотипов из разных ветвей, то возраст из этих цифр «разнообразия» не посчитать, и никому они, эти цифры, не нужны. Просто «так принято», совершенно бездумно. Ниже мы покажем, как это на самом деле надо делать. А пока заметим, что по данным авторов для литовцев в пределах гаплогруппы R1a это «разнообразие» выше — 0,984±0,05, и понятно, почему: гаплогруппа R1a старше по сравнению с N1c1 в литовской популяции, как будет показано ниже в наших расчетах. Им в данных популяциях 4375 и 2400 лет, соответственно (см. ниже).

Занятно, что авторы, не разбираясь в скоростях мутаций, практически вслепую применили как скорости мутаций Kayser et al (2000), основанные на парах отец-сын (полученные при совершенно недостаточной статистике, и, видимо, приводящие к заниженным датировкам), так и «популяционные скорости мутаций» Л. Животовского, которые приводят к завышениям датировок примерно в три раза. Так и получилось — первые дали 900 лет до общего предка литовцев

гаплогруппы N1c1, вторые — 7600 лет, в 3,2 раза выше чем по более корректным расчетам (см. ниже). Для гаплогруппы R1a у литовцев соответствующие датировки получились 1100 и 7800 лет, соответственно, при более правильной величине 4375 лет до общего предка (см. ниже). Особенно поразительно, что авторы включили в свои расчеты и время жизни общего («усредненного»!) предка популяции по всем гаплогруппам одновременно (!), что вообще не имеет никакого физического смысла. У них получилось 1000 и 7000 лет «по Кайзеру и по Животовскому», соответственно. Здесь комментариев просто нет.

Верные своим принципам, популяционные генетики тут же подгоняют полученные цифры к устоявшимся данным, полученным представителями других наук, в данном случае, в археологии и антропологии. Авторы пишут, что полученная величина в 1000 лет («по Кайзеру») согласуется с временем развития сельского хозяйства на территории современной Литвы. На самом деле то, как эта цифра была авторами получена, является ошибкой. Сельское хозяйство здесь не при чем. Сюда же относятся фантазии о «элитном доминировании», тоже любимом предмете популяционных генетиков, который вставляется к месту и ни к месту, как в данном случае, поскольку расчеты датировок неверные. Сюда же относится невразумительная фраза «*the observed pattern of Y chromosome diversity in Lithuanians may be explained by a population bottleneck associated with Indo-European contact*», помещенная в резюме. Какая «наблюдаемая картина разнообразия», о чем здесь речь — остается неизвестным, как и при чем здесь «бутылочное горлышко популяции», у кого, и откуда оно появилось — тоже остается без ответа, как и то, что за «индоевропейцы» здесь упоминаются, видимо, древние носители гаплогруппы R1a. Но почему они создали «бутылочное горлышко», когда носители гаплогруппы N1c1 просто пришли в Прибалтику позже — загадка сия велика есть.

Как видно, материал статьи совершенно бессвязный, вопрос о происхождении литовцев остался, естественно, без ответа, датировки неверные, формальные цифры «разнообразия» остались без интерпретации, «элитное доминирование» и «бутылочные горлышки популяции» неясно зачем вообще введены, к тому же диапазон датировок от 900 лет до

7600 лет для одних и тех же событий (в данном случае для общего предка гаплогруппы N1c1 у литовцев) делает задачи статьи лишенными смысла. Популяционная генетика.

**Для сравнения приведем здесь расчеты по литовским мужским популяциям с помощью методов ДНК-генеалогии.** Для начала — используем данные самих же авторов рассматриваемой статьи, и применим методы расчетов, авторам, видимо, незнакомые.

### *Гаплогруппа R1a у литовцев*

Итак, авторы нашли, что среди 88 гаплотипов гаплогруппы R1a у литовцев семь были идентичными друг другу, и имели вид

13 25 16 11 11 14 X X X 13 11 30.

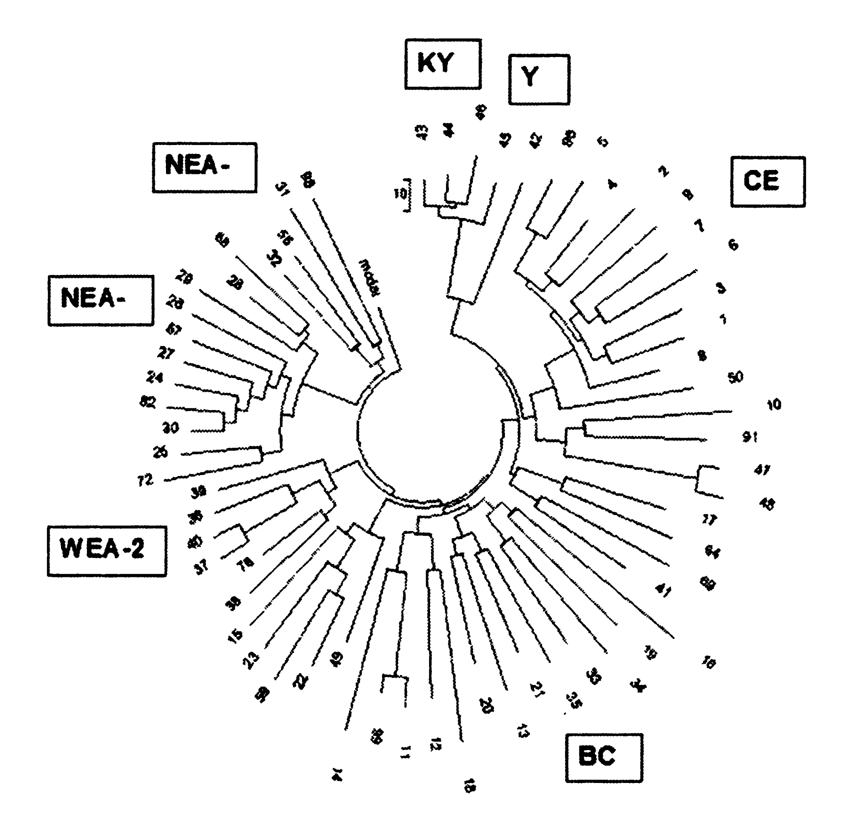
В понятиях ДНК-генеалогии это — базовые гаплотипы. Для данного 9-маркерного формата гаплотипов константа скорости мутации равна 0,017 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет, что дает [ln(88/7)]/0,017=149→175 поколений, то есть примерно 4375 лет до общего предка литовских мужчин гаплогруппы R1a в данной популяции, что в пределах погрешности совпадает с возрастом общего предка гаплотипов R1a на Русской равнине. И гаплотип у общего предка тот же самый, что в усеченной форме записан выше:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30.

Что касается «гомогенности», то следующий рисунок показывает, что никакой гомогенности в литовской выборке гаплотипов R1a не наблюдается. Литовские гаплотипы расходятся по разным ветвям, с общими предками, которые жили (определено по значительно более массивным выборкам):

— Центрально-европейская ветвь — 3425 лет назад (она в свою очередь расходится на две подветви с возрастом 3000±400 лет каждая); у литовцев там 94 мутации от 67-маркерного базового гаплотипа ветви, что составляет 94/9/0,12=87→96 поколений, то есть 2400±350 лет до общего предка.

— Балто-карпатскую ветвь с общим предком 4000±500 лет назад, и двумя подветвями с общими предками 2700±300 и 2500±300 лет назад; литовские гаплотипы принадлежат всем трем подветвям.




**Дерево из 63 гаплотипов в 67-маркерном формате, из них 54 литовских гаплотипа. Показаны ветви (по часовой стрелке): южно-азиатская (киргизская) [KY], «младшая скандинавская» [YS], центрально-европейская [CE], балто-карпатская [BC], западная евразийская-2 [WEA-2], северная евразийская-1 [NEA-1] и северная евразийская-2 [NEA-2]. Гаплотипы 2 и 6 в CE ветви принадлежат эстонцам, им же принадлежат гаплотипы 16, 33 и 34 в BC ветви, и отдельно стоящий 41 (старая скандинавская ветвь). Гаплотипы 19 (BC ветвь) и 39 (WEA-2 ветвь) — латышские, как и гаплотип 23**

— Западную евразийскую ветвь-2 возрастом 2600±300 лет; пять литовских гаплотипов отклоняются суммарно на 51 мутацию от базового гаплотипа, что дает 51/5/0,12=85→93 поколения, то есть 2325±400 лет до общего предка, в хорошем соответствии с возрастом всей ветви.

— Северную евразийскую ветвь возрастом 2200±250 лет; 15 литовских гаплотипов этой ветви расходятся на две подветви, NEA-1 и NEA-2.

— Еще есть серия южно-азиатской ветви, с гаплотипами, похожими на киргизские и общим предком примерно 1050 лет назад. Это, скорее всего, литовские татары.

Эти ветви все в совокупности идут от общего предка Русской равнины, который жил примерно 4800 лет назад.

### *Гаплогруппа N1c1 у литовцев*

При рассмотрении 72 гаплотипов гаплогруппы N1c1 у литовцев авторы обсуждаемой статьи нашли, что из них четверть (то есть 18 человек) имеют идентичные гаплотипы

14 23 15 11 11 13 X X X 14 14 30.

Считать «разнообразие» — здесь давно устаревшее понятие. Вместо этого запишем [ln(72/18)]/0,017=82→90 поколений, то есть примерно 2250 лет до общего предка литовских мужчин гаплогруппы N1c1 в данной популяции. Это — конец прошлой эры. Посмотрим, что дают более аккуратные расчеты по большим выборкам более протяженных гаплотипов. Базовый гаплотип 20 литовцев гаплогруппы N1c1-M178+L708+L550+ из базы данных FTDNA имеет вид

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 9 9 11 12 25 14 19 28
14 14 15 15 — 10 11 18 20 13 15 16 19 36 36 14 10

и все 20 37-маркерных гаплотипа имеют 152 мутаций от приведенного базового гаплотипа. Это дает 152/20/0,09=84→92 поколений, то есть 2300±300 лет до общего предка. Совпадение практически абсолютное с расчетом выше по данным обсуждаемой статьи. В целом среди N1c1 преобладает

DYS19=14, у литовцев — 15. В пределах гаплогруппы N1c1 литовцы образуют южно-балтийскую ветвь с характерной четверкой DYS464 14-14-15-15 и DYS459 9-9, в отличие от финской ветви с 13-13-14-14 и 10-10, соответственно. Правда, и там литовские гаплотипы расходятся на несколько ДНК-генеалогических ветвей с общими предками в середине 1 тыс. н.э., примерно 1500 лет назад.

Но это — суммарные расчеты, без учета того, что дерево гаплотипов литовцев гаплогруппы N1c1 на самом деле расходится на ветви, и у каждой ветви — свой возраст, свой общий предок. Расчеты показывают, что все эти ветви образованы в середине 1 тыс. н.э. или позже. Посмотрим, как это делается.

На дереве отчетливо видны две обширные ветви справа и слева, которые в свою очередь состоят суммарно из семи подветвей.

Ветвь 1 из шести гаплотипов имеет базовый гаплотип

14 23 15 11 11 13 11 12 10 14 14 30 — 17 9 9 11 12 25 14 19 28
14 14 15 15 — 10 11 18 20 13 15 16 19 36 36 14 10.

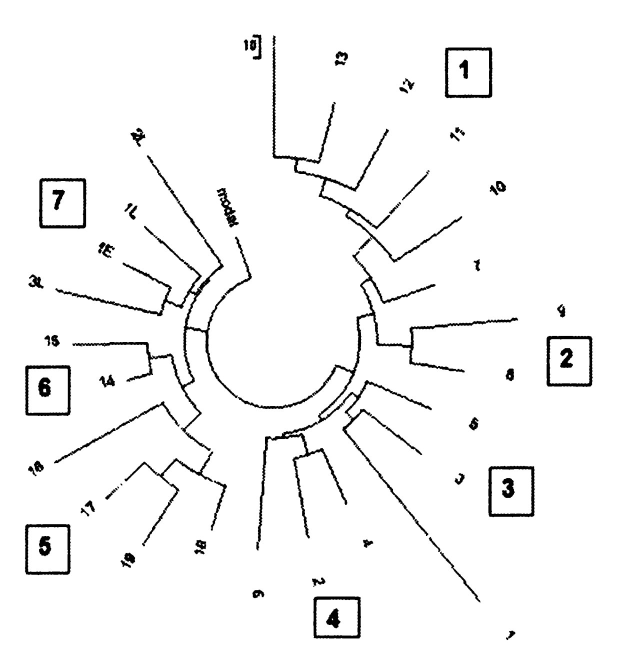
В ветви — 30 мутаций, что дает 30/6/0,09=56→60 поколений, то есть 1500±310 лет до общего предка ветви. Это — середина 1 тыс. н.э.. Как раз время подъема сельского хозяйства в регионе, согласно цитируемым авторами рассматриваемой статьи археологических данных. Только это уже не «между 1000 и 7000 лет», а вполне корректно рассчитанные данные.

Ветвь 2 рядом — это не дочерняя ветвь, она происходит от предка примерно 1050 лет назад, и имеет вместе с первой ветвью общего предка примерно 2200 лет назад.

Две подветви 3 и 4 легко объединяются, так как они одинаковые по размеру, и «вес» их одинаков. Эти шесть гаплотипов имеют базовый гаплотип

14 23 15 11 11 13 11 12 10 **13** 14 29 — 17 9 9 11 12 25 14 19 28
14 14 15 15 — 10 11 18 20 13 15 **15 18 35 35 13** 10.

В этой ветви тоже 30 мутаций, что тоже определяет возраст ветви в 1500 лет назад.



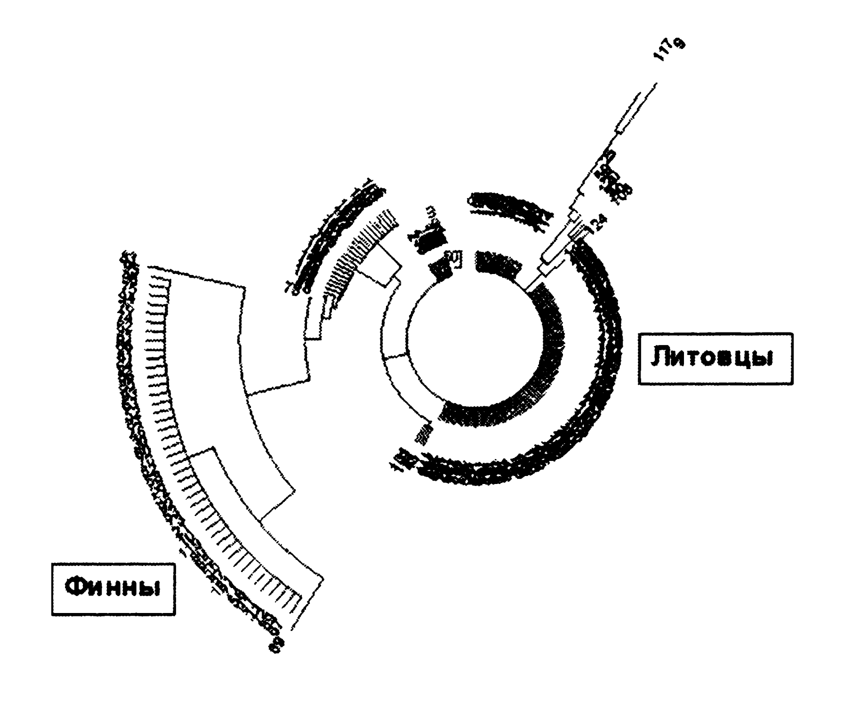

**Дерево из 24 прибалтийских гаплотипов гаплогруппы N1c1 в 37-маркерном формате. 20 гаплотипов литовские, три гаплотипа (1L, 2L, 3L) — латышские, 1E — эстонский. Пронумерованы семь ветвей дерева**

Между ветвями 1 и 3-4 — 6 мутаций, что разводит их общих предков на 6/0,09=67→72 поколений, то есть на 1800 лет, и помещает их общего предка на (1800+1500+1500)/2=2400 лет назад.

Ветвь 5 имеет базовый гаплотип→

14 23 15 10/11 11 13 11 12 10 14 14 31 — 17/18 9 9 11 12 25 14 19 28 14 14 15 15 — 12 11 18 20 14 15 17 20 37 37 14 10

и 14 мутаций ветви от этого базового гаплотипа помещают общего предка ветви на 1025±280 лет назад.




Дерево 213 4-маркерных гаплотипов (DYS464a,b,c,d) Проекта N1c1, http://www.familytreedna.com/public/N1c1/default.aspx. По кругу на стволе дерева — 127 идентичных друг другу базовых гаплотипов «южно-балтийской ветви» дерева с четверкой 14-14-15-15. Среди них — 24 финна (19% от ветви, треть от всех финнов в выборке). Слева — ветвь из идентичных друг другу 43 гаплотипов с четверкой 13-13-14-14 «финской ветви», в которых из 40 известных этнических отнесений предков 28 финнов (70% от всей ветви), 7 русских, два шведа, и по одному немец, норвежец, румын. Две небольшие ветви слева вверху (15-15-15-15 и 13-13-15-15) из 15 и 11 гаплотипов, соответственно, включают: в первой — недифференцированный состав из четырех финнов, трех англичан, двух русских, двух поляков, украинца, чеха, литовца и латыша (15-15-15-15), и во второй — почти исключительно финнов (8 из 11, то есть 73%) с добавлением норвежца, литовца и ирландца (13-13-15-15). Выброс справа вверху в ветви из 10 гаплотипов — гаплотипы N1 и/или N1b

Малая ветвь рядом (6) имеет недавнего предка, всего 425 лет назад. Но она отстоит от ветви 5 на 6,5 мутаций, то есть на 1950 лет, что помещает общего предка ветви 5—6 примерно на 1700 лет назад.

Наконец, сводная ветвь латышей и эстонца (7) имеет возраст 1250 лет. Но она заметно отличается по своему базовому гаплотипу

14 23 15 11 11 14 11 12 10 13 14 29 — 17 9 9 11 12 25 14 19 28
14 14 15 15 — 11 11 18 20 14 15 17 20 36 36 13 10

от остальных ветвей. Так, от соседней ветви 5 она отличается на 8 мутаций, что помещает их общего предка на 2400 лет назад.

Как мы видим, примерно 2200—2400 лет назад жил общий предок южно-балтийской ветви гаплотипов группы N1c1, который принципиально отличался от финской ветви по ряду маркеров в базовом гаплотипе, как описано выше. Подавляющее большинство литовских, латышских и эстонских гаплотипов группы N1c1 относятся именно к южно-балтийской ветви, с четверкой 14-14-15-15 (DYS464) и парой 9-9 (DYS459). Насколько эти различия с финской группой выражены и воспроизводимы, видно из дерева гаплотипов. Надписи «литовцы» и «финны» показывают, в какой ветви преобладающе оказываются эти этнические группы. Это дерево «четверок» гаплотипов напоминает то, что приведено выше, в главе 14, для «шестерок» гаплотипов. «Шестерки» более точные, чем «четверки», но и здесь разрешение прекрасное.

### *Гаплогруппы I1 и I2 у литовцев*

Гаплогруппы I2 у литовцев практически нет, как и вообще в Прибалтике. По информации базы данных проекта FTDNA, среди 594 гаплотипов гаплогруппы I2 имеются только один литовский, один латышский и ни одного эстонского гаплотипа.

Аналогично, по данным другого проекта, среди 3400 гаплотипов есть только четыре прибалтийских, эстонский и три литовских гаплотипа.

Эти три литовских гаплотипа гаплогруппы I1 имеют следующий базовый гаплотип в 67-маркерном формате:

13 23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 — 10 10 19 21 14 14 16 20 35 37 12 10 — 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 23 25 15 10 12 12 16 8 13 25 20 13 13 11 12 11 11 12 11.

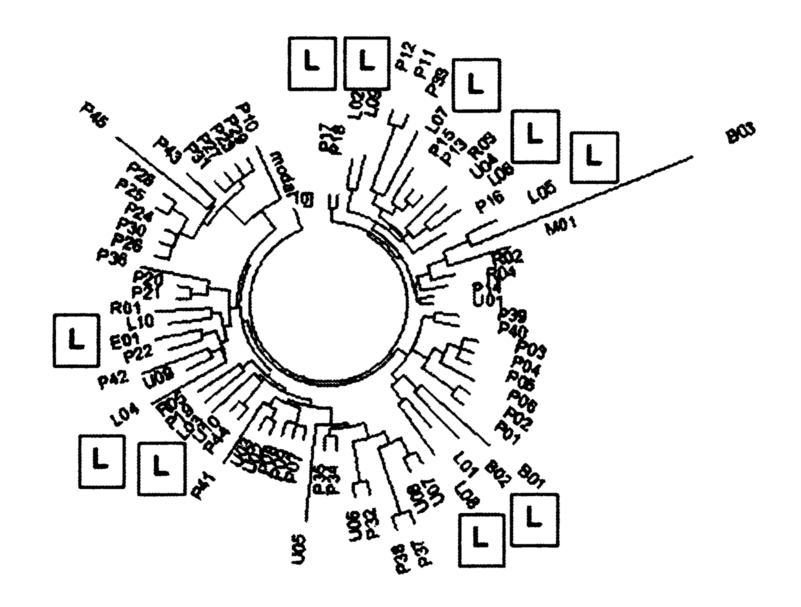
Во всех 67 маркерах они имеют 25 мутаций, что дает 25/3/0,12=1850±410 лет до общего предка. Это явно заниженная датировка, потому что гаплотипов всего три. Ниже показано, что при увеличении выборки до 10 гаплотипов датировка возрастает до 3000±430 лет до общего предка.

Если к этим трем гаплотипам литовцев добавить гаплотипы эстонца, украинца, двух белорусов и трех русских той же гаплогруппы, то полученные 10 гаплотипов имеют тот же базовый гаплотип, но с датировкой общего предка 2175±340 лет назад.

Надо, впрочем, принять во внимание, что эти 10 гаплотипов принадлежат разным субкладам (см. схему ниже) — один литовец субклада I1d-L22 (как и эстонец, все трое русских и украинец), один литовец и два белоруса — субклада I1b-M227, и один литовец — общего субклада I1, что, впрочем, означает, что субклады для него не определяли. Поэтому в реальности общий предок всех трех литовских гаплотипов может быть древнее.

**I1** L64, L75, L80, L81, L118, L121/S62, L123, L157.1, L186, L187, M253,
- **I1*** -
- **I1a** ***M21***
- **I1b** **M227**
  - **I1b*** -
  - **I1b1** M72
- **I1c** ***M507***
- **I1d** **L22**

В базе данных Ysearch обнаружились 10 литовских гаплотипов, и в составе 74 восточноевропейских гаплотипов они приведены на дереве 25-маркерных гаплотипов:




Дерево из 74 восточноевропейских гаплотипов гаплогруппы I1-M253 в 25-маркерном формате, построено по данным базы YSearch. Буквами латинского алфавита обозначены Польша, Украина, Белоруссия, Эстония, Литва, Россия. На дереве отмечены 10 литовских гаплотипов

Видно, что литовские гаплотипы не занимают какого-либо определенного места, не формируют свою ветвь, как и любые другие восточно-европейские гаплотипы. Все 74 гаплотипа дерева имеют базовый гаплотип (две отличающиеся мутации от предыдущего базового гаплотипа отмечены)

13 **22** 14 10 **13** 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16

и суммарно отстоят от него на 386 мутаций. Это дает 386/74/0,046=113→128 поколений, или 3200±360 лет до общего предка.

Еще 10 гаплотипов приведены и на литовском сайте. Базовый гаплотип там следующий:

13 22/23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 — 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 — 10 10 19 21 14 14 16 20 35 36/37 12 10 — 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 24 25 15 10 12 12 16 8 13 25 20 13 13 11 12 11 11 12 11.

Он практически такой же, что приведен выше для серии гаплотипов с Проекта I1 FTDNA. В 37-маркерном формате все 10 гаплотипов имеют 96 мутаций, что дает 96/10/0,09=107→120 поколений, то есть 3000±430 лет до общего предка. Это — в пределах погрешности с величиной, данной выше.

Надо опять принять во внимание, что эти 10 гаплотипов принадлежат разным субкладам — один литовец к субкладу I1d1, и один — к субкладу I1b-M227.

Как видно, самая древняя гаплогруппа у литовцев — R1a (середина 3 тыс. до н.э.), и она же самая распространенная. Следующей по древности идет гаплогруппа I1 (конец 2 тыс. до н.э. — начало 1 тыс. до н.э.), и далее — гаплогруппа N1c1, которая вошла в литовскую популяцию только в середине 1 тыс. н.э.

* * *

Итак, рассмотрение литовских гаплотипов разных гаплогрупп показывает, что общий предок гаплогруппы R1a литовцев жил примерно 4600 лет назад, в середине 3 тыс. до н.э., и прибыл на Балтику в составе разных субкладов, почти все из них образовались в середине 1 тыс. до н.э. (центрально-европейский 2400±350 лет назад, балто-карпатский 2500 и 2700 лет назад, западный евразийский 2600±300 лет назад, северный евразийский 2200±250 лет назад). Носители этих субкладов говорили, как показывает лингвистика, на диалектах древнего арийского языка, что и образовало балтскую языковую группу, или балто-славянскую, в зависимости от того, как называть и чему отдавать предпочтение.

Как отмечает И.Л. Рожанский (2011), по меньшей мере три линии миграции восточных славян в Литву, хотя и край-

не слабо представленных там, можно связать с миграциями из карпатского (или дунайско-карпатского) региона. Это обе ветви субклада М458 и восточная карпатская (она же западно-евразийская-2) ветвь субклада Z280, Все они имеют почти один и тот же возраст, около 2700 лет.

Примерно одновременно с ними на Балтику стали прибывать носители гаплогруппы I1, значительно меньшие по численности. Их источник — Европа, где гаплогруппа I1 прошла «бутылочное горлышко» популяции примерно 3400 лет назад, и Восточная Европа с общим предком 3200±360 лет назад, примерно то же, что и у литовских гаплотипов. Это, видимо, и были древние балты, во всяком случае, нынешние литовцы — их прямые потомки. Те, кто жили на территории современной Литвы раньше, если таковые были, видимо, не оставили потомства, которое бы дожило да нашего времени.

Заметно позже, к середине 1 тыс., в Прибалтику стали прибывать носители гаплогруппы N1c1, ее южно-балтийской ветви, отделясь от финской ветви, которая прошла и расселилась севернее. Общий предок обеих ветвей жил на Урале, или находился на миграционном пути между Уралом или Поволжьем и Балтикой примерно 3200 лет назад, и эта миграция расщепилась на несколько ДНК-генеалогических линии, все примерно одинакового «возраста», все датируются серединой 1 тыс. н.э. Случайное это совпадение или нет, но в те же времена в Европе происходило становление языкового славянства, и в те же времена вдоль Прибалтики формировались прибалтийские племена, а также викинги. Одна линия сформировала угро-финскую ветвь, состоящую в значительной степени из финнов, но с добавлениями части русских, норвежцев, шведов; другая линия дала потомков, ныне живущих в основном в России, в прибалтийских странах — Эстонии, Литве, Латвии, а также Польше, и их соседей, откуда гаплотипы южно-балтийской группы попали с потомками вплоть до Атлантики и Мексики. Характерными признаками гаплотипов угро-финской группы являются DYD459=10-10, DYS464=13-13-14-14, негативный снип L550-. Характерными признаками гаплотипов южно-балтийской группы являются DYD459=9-9, DYS464=14-14-15-15, позитивный снип L550+. Сами литовцы впервые упоминаются в исторических документах в начале XI в., то есть всего несколько столетий после прибытия носителей гаплогруппы N1c1.

Неолитические обитатели Балтики начиная с 6500 лет назад в гаплотипах современных литовцев не просматриваются. Данные об «интенсивном культурном развитии в Литве, включая керамику», возможно, и были, но, похоже, потомков тех людей в Прибалтике не осталось. Что касается балтов «в 5-м тысячелетии назад», то это могли быть носители гаплогруппы R1a из Европы и с Русской равнины. Авторы справедливо пишут, что «археологические данные показывают, что финно-угорское влияние на литовскую популяцию было минимальным». Правда, авторы это ничем не подтверждают, и просто цитируют данные археологии. ДНК-генеалогия это полностью подтверждает. Носители гаплогруппы N1c1 прибыли на Балтику уже относительно поздно, в середине 1 тыс. н.э., и, самое главное, это не были финно-угры по гаплотипам. Те ушли севернее, а южнее, в литовской Прибалтике, были южные славяне южно-балтийского субклада гаплогруппы N1c1.

### *«Этническая история русских», полученная из «разнообразия мтДНК»*

Статья (Морозова и др.) относительно недавняя, опубликована в декабре 2011 года. Авторы — группа сотрудников Института общей генетики РАН. Удивительно, что среди авторов нет Л.А. Животовского из того же института, но такую независимость и самостоятельность можно только приветствовать.

Изначально к статье симпатия, поскольку любой толковый материал про этническую историю русских можно только приветствовать. Что можно ожидать от такого материала? Давайте начнем скорее с того, что уже известно, в целом или в частности. Известно, что мужской состав этнических русских в основном определяют три гаплогруппы — R1a, N1c1, и I (I1+I2), на которые приходится суммарно примерно 84%. Это, условно говоря, восточные славяне (доля в Европейской части России в среднем 48%, но до 63% в южных областях России, и соответственно меньше на севере, от Пскова и севернее), южные балты, на которых приходится в среднем 14% по Европейской России, и, условно говоря, общеевропейские гаплогруппы I1 и I2, с их 6,5% и 15%, соответственно. После-

ние две гаплогруппы называют то «палеоевропейскими», то «древнерусскими», то «балтийскими», «скандинавскими» (I1), и «южнославянскими» или «балканскими» (I2). Ни одно из этих названий не является абсолютным, и полностью зависит от контекста, в который эти названия помещают.

Например, «восточнославянской» гаплогруппа R1a является только на территории России, и то только на основании лингвистических категорий. Название «южные балты» для гаплогруппы N1c1 применимо для тех, кто живет в России, Литве, Латвии, Эстонии, Польше, потому что они действительно принадлежат в основном южно-балтийской ветви гаплогруппы N1c1, со снипом L550 и характерными аллелями в гаплотипах (например, двойкой 9-9 и четверкой 14-14-15-15 в DYS459 и DYS464, соответственно). Та же гаплогруппа N1c1, но среди этнических финнов (то есть тех, кто считают себя финнами, говорят на финском языке и поколениями живут в Финляндии) южно-балтийской уже никак не являются, имеют негативный снип L550, двойку 10-10 и четверку 13-13-14-14, соответственно.

Что касается гаплогрупп I1 и I2, то в России их совсем мало по сравнению с Британскими островами и вообще Европой. Поэтому по сути это «общеевропейские» гаплогруппы, хотя есть основания считать, что гаплогруппа I могла возникнуть на Русской равнине более 40 тыс. лет назад, и затем мигрировать на запад, в Европу. Возможно, там и разошлась на субклады I1 и I2, причем первый явно прошел «бутылочное горлышко» популяции примерно 3500 лет назад, в середине 2 тыс. до н.э., и в небольших количествах вернулся на Русскую равнину примерно 3200 лет назад. В применении в России их можно считать условно «южнорусскими», потому что, например, в Прибалтике их практически нет. Из тысяч гаплотипов проектов I1 и I2 только десяток прибалтийских I1, причем они есть только в литовском проекте, в котором 125 гаплотипов гаплогруппы N1c1 и 60 гаплотипов R1a. В крупном проекте I2 среди 594 гаплотипов гаплогруппы I2 имеются только один литовский, один латышский и ни одного эстонского гаплотипа. Там же — 9 русских, 2 украинских и 6 белорусских гаплотипов. В еще более крупном проекте I1 среди 3400 гаплотипов есть только один эстонский и 3 литовских гаплотипа, но 12 русских, 9 украинских и 3 белорусских. Эти данные можно, конечно, интерпретировать по-

разному, но суть в том, что гаплотипов I1 и I2 на севере мало, и они смещены к югу. Назвать гаплогруппу I1 «прибалтийской» в контексте Русской равнины было бы неуместно.

Что касается женских мтДНК, то в целом известно, что преобладающей гаплогруппой в Европейской части России является гаплогруппа Н (примерно 43%), а также гаплогруппы U5 (11%), Т2 (9%), J (примерно 8%), остальные — в меньшей степени.

В отношении «этнической истории» России на основании мтДНК трудно представить что-либо новое или необычное, что такое исследование может дать, исходя из общих представлений. ДНК-генеалогию там особо не вычислить, потому что одна мутация в мтДНК происходит раз в несколько тысяч лет. С такими скоростями мутаций «этническую историю русских» изучать трудно, если под «русскими» не считать тех, кто жили на Русской равнине 5—10 тыс. лет назад. Более того, для всех трех основных мужских гаплогрупп их доля по областям Российской Федерации почти полностью неупорядочена и перемешана. Есть только общая тенденция роста доли гаплогруппы N1c1 на север (начиная с широты Пскова) и роста доли R1a, напротив, на юг. По общим соображениям, мтДНК тоже должны быть там, в русских областях, перемешаны. Сколько тысячелетий прошло с их образования и множественных миграций, притом что женщины обычно переходили в замужество на другие территории. Но это — общие соображения, которые порой не подтверждаются объективными научными данными.

Посмотрим, что нашли в этом отношении авторы. Открываем статью с надеждами. Читаем абстракт. Там обычно в концентрированном виде то, что НАШЛИ, а не то, что ДЕЛАЛИ. По крайней мере, так должно быть.

Итак, если отжать воду, а именно что «делали», то имеем:

1. Подтверждено, что средневековые славяне имели племенную структуру.

2. Показано, что «разнообразие» среди русских начинается во второй половине 1 тыс. н.э., «времени колонизации Восточно-Европейской равнины славянскими племенами».

Как, и это все? Кто бы сомневался в этих основных выводах, тем более что это все взято из учебников истории для средней школы.

(Более того, как показано ниже, это из данных авторов совершенно не следует. Но наберемся терпения. Перед нами — интересный и поучительный случай).

Ну ладно, уже ясно, что ничего нового не нашли. Или в известном ключе популяционной генетики новые выводы сделать просто побоялись, и подогнали к тому, что уже известно. Хорошая наука, удобная, неконфликтная.

Правда, в абстракте есть еще загадочная фраза, что «*картина разнообразия объяснена как влиянием нативных популяций Восточно-Европейской равнины, так и генетическими различиями среди ранних славян*». Ну так почему не написали, что это дало? Что значит «объяснена»? Вывод-то какой сделан? Абстракт именно для того, чтобы вывод написать, а не поделиться, типа, что «мы работали».

Вот это и есть отсутствие грамотной школы в популяционной генетике. Никто не научил, что в абстракт выносят то, что найдено, как продвинута наука в результате исследования, а не то, что делалось. Типа «мы собирали грибы». А где грибы-то? «Да мы собирали».

Ладно, если даже ничего нового не нашли, но грамотно показали, что средневековые славяне делились на племена, и что общие предки славян жили во второй половине 1 тыс., уже хорошо для становления науки, пусть будет грамотным упражнением. Но уже закрадываются сомнения, потому что по Y-хромосомным гаплотипам известно, что ветви славянских (или праславянских) племен ведут свое начало в основном из начала-середины 1 тыс. до н.э., а общие предки этих племен жили на Русской равнине примерно 4900 лет назад. В те же времена или чуть позже предки нынешних славян продвинулись в Прибалтику, на территории современных Литвы и Латвии. Примерно 4000 лет назад предки нынешних славян прошли до Южного Урала, основали андроновскую и синташтинскую археологические культуры, и примерно 3500 лет назад предки нынешних славян, точнее, братья наших предков, ушли в Индию, Иран, Анатолию, Саудовскую Аравию. Ушли, естественно, с Русской равнине, не по воздуху летели из Европы.

Это была долгая миграция, с образованием племен, ветвей гаплотипов, образованием новых субкладов гаплогруппы R1a. Хотя на север Русской равнины, в Южную Прибалти-

ку носители южно-балтийской ветви гаплогруппы N1c1 прибыли действительно в середине 1 тыс. н.э. Но перед этим там уже были носители гаплогруппы R1a (см. выше), что и сформировало балтов и привело к образованию балто-славянской языковой группы. Но явно неверно ограничивать наших славянских, или русских предков только «второй половиной 1 тыс. н.э.», это только племена гаплогруппы N1c1, ставшие южно-балтийскими. Может, авторы рассматриваемой статьи только их изучали? Смотрим дальше, саму статью.

Набор рассматриваемых мтДНК впечатляет. Помимо 953 образцов из России (образцы из 10 областей собирали сами, плюс пять областей добавили из литературы, всего получив образцы из 14 областей России, одна область перекрывалась по своим и литературным данным). Еще добавили массу литературных данных по мтДНК, что позволило получить репрезентацию по мтДНК по шести языковым группам — славянской, балтской, финно-угорской, тюркской, германской, и иранской (последние — осетины и персы). Естественно, языковые группы здесь ни при чем, в ДНК они не отражены. Речь идет о территориях преимущественного расселения носителей этих языков, причем в наше время. В древности эти (языковые) территории часто были, естественно, другие. Неясно, почему авторы так напирают на языки. Это у них, видимо, такой сленг, не очень удачный.

Для начала — сразу относительно мелкое замечание. Авторы много места уделяют описаниям статистических расчетов, как и положено популяционным генетикам, но на практике вся эта теория отбрасывается. Например, авторы пишут, что средняя частота восточно-евразийских гаплогрупп среди восточноевропейских российских областей составляет 2,44%, а среди поляков, например, только 1,8% (или максимум 1,8%). Это понятно — где поляки и где Восточная Азия. Но на самом деле здесь не 2,44%, да еще с точностью до сотых долей процента. Цифры по всему полю прыгают, и, например, гаплогруппа А почему-то подскакивает до 3,23% у смолян (на самом деле там 2 человека из 62 смолян, какие уж там «3,23% до сотых долей процента», статистическая погрешность при наличии всего двух человек как минимум плюс-минус 70%, и то это для одной сигма, для двух сигма погрешность вдвое выше, что вообще почти теряет смысл). У рязанцев гапло-

группу А имеет один человек из 60, и еще у новгородцев — один из 114 человек. У остальных 11 областей — ни одного. Чего уж там усреднять, да еще до сотых долей процента... Вот оно, отсутствие грамотной научной школы. Короче, восточноазиатских гаплогрупп в российских областях по представленным данным 2.45±1,50%, а у поляков — 1,8%, и тоже с погрешностью. Так что это одни и те же цифры, у русских и поляков, в пределах погрешности.

Вот это и огорчает, что авторы не понимают, или пренебрежительно относятся к тому, как надо представлять данные. Это тоже результат отсутствия у них хорошей научной школы. Это и сыграло с ними фатальную шутку, как станет ясно ниже. Надо же понимать, что складывая, вычитая и деля цифры статистической природы, надо особенно внимательно представлять интервалы погрешности, доверительные интервалы. Нельзя писать 2,45%, когда там 2,45±1,50%, то есть как минимум между 0,95% и 3,95%. Потому и генетические дистанции при таких расчетах обречены на ложность, при вычитании одних малых чисел с большими погрешностями из других, да еще возводя в квадрат.

Короче, ясно, что мало у русских восточноазиатских гаплогрупп по сравнению с тремя основными — Н, U и U5 (и далее — J и Т), и этого достаточно. Остальных западно-евразийских тоже мало, на уровне единиц и долей процента. Ясно, что это случайно примкнувшие, и не нужно там пытаться «наводить науку» на сотых долях процента. Никакого научного смысла в такой точности нет. Главное, что это не имеет никакого прямого отношения к истории этнических русских. Эти доли процента могли попасть в указанные области когда угодно, хоть в этом веке, хоть в прошлом, хоть в позапрошлом.

Кстати, интересно, что гаплогруппа U, которую в изобилии нашли авторы, полностью отсутствует у этнических русских по другим данным, например, в известных таблицах Бехара. Она по данным Бехара и др. сохранилась только у узбеков, да и то на уровне менее 5%, а больше ни у кого в мире ее нет, хотя гаплогруппы U5 по тем же данным 10,6%. Так что здесь сильное противоречие с опубликованными ранее данными. Но не будем останавливаться, пусть авторы сами разбираются.

Дальше пошла любимая игра попгенетиков — все гаплотипы перемешали, невзирая на гаплогруппы, и построили поле «генетических дистанций», по прописи Кавалли-Сфорца 1967 года, 45 лет назад. То есть гаплогруппы-гаплотипы определяют по высшему классу, а затем впрягают в старую телегу. А смысл? Получили, что русские по всей солянке-совокупности всего и вся попадают в ближайшее окружение поляков, боснийцев, мордвы, марийцев, чувашей, татар и осетин. Можно добавить карелов и словенцев, они тоже недалеко. Ну, и что нового? Мы воздели в изумлении руки? Остается добавить, что это представители славянской, финно-угорской, тюркской и иранской языковых групп. Информативно, да?

Зато германская и балтская группы остались вдали, скажет торжествующе попгенетик. Вот именно это и показывает, что никакой научной ценности в этих построениях нет. Потому что половина литовцев — гаплогруппа R1a, общая с восточными славянами, как и пятая часть немцев, столько же у шведов, четверть у венгров, что тоже находятся в отдалении на диаграмме. А это и есть общая история, один род. Можно сказать, конечно, что у женщин одна корреляция, у мужчин — другая. Ну, и что это тоже даст? Что история женщин и мужчин у русских (и у других) разная? Да, наверное, и это тоже. Женщины в род приходили, или их силой привозили из разных краев, в том числе и из Восточной Азии. Ну и что это говорит об истории этнических русских?

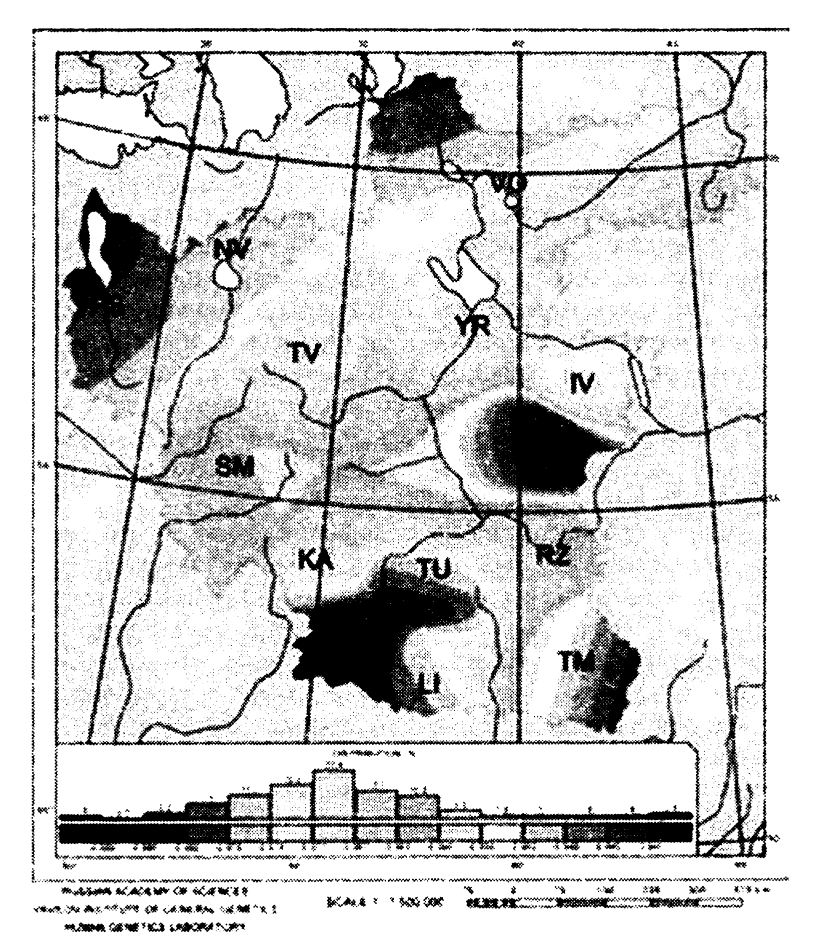
«*Русские ближе к волго-уральскому региону*», делают вывод авторы из этой диаграммы. Что, рядом стоящие поляки, боснийцы и осетины — это волго-уральский регион? Что это, как ни откровенная натяжка? Впрочем, она объясняется легко. Следующая фраза: «*Заметим, что это в полном согласии с их географическим расположением*». Вот и подогнали. А то, что у поляков и русских по половине, а местами и по две трети одинаковой гаплогруппы R1a — это не близость географического расположения? То же и с белорусами. С каких пор белорусы — это волго-уральский регион?

Авторы здесь же делают ссылку на то, что «*это позволяет узнать генетические характеристики сообществ, которые существовали до современных этнических групп*», причем это ссылка на работу 1969 года одного из авторов, С. Рычкова. Это положение тоже непонятно в контексте дан-

ной работы. Что за «генетические характеристики» авторы узнали, которые существовали до современных этнических групп? Начнем с того, что мтДНК в этом контексте — это не «генетическая характеристика». Да и вообще, какой смысл здесь этой фразы? О каких «сообществах» здесь речь? О гаплогруппе Н? Так она и сейчас существует.

Авторы представляют таблицу, в которой указаны «генетические расстояния» от усредненных русских мтДНК до усредненных мтДНК шести языковых групп. Вообще сама концепция приравнивать современные «языковые группы» к гаплогруппам-гаплотипам является более чем сомнительной. Иногда это работает, но для языковых и гаплогруппных изолятов (например, баски). Для балтов, например, у которых половина гаплогруппы R1a, это непонятно что дает. У авторов получилось, что ближе всех к русским — славянская языковая группа. Кто бы удивлялся, тем более, что у них преобладает опять же R1a (у мужчин) и Н (у женщин). Рядом — балты (причина та же). А дальше всех — иранцы, то есть осетины и персы. Опять, кто бы удивлялся. Тем более что это должно зависеть от времени, и от того, сравнивают с мужчинами или женщинами. Персы 2500 лет назад — это определенно преобладание R1a (у мужчин), ариев того времени. Это — родные братья наших праславянских предков той же гаплогруппы R1a. Кстати, и гаплотипы почти одни и те же, вплоть до 67-маркерных. Кто были их женщины — мне неясно.

Начиная с VII в. н.э. ариев значительно вытеснили мусульмане, гаплогруппы J2 в большой степени. Языки, тем не менее, остались иранские, хотя уже трансформировались в новейшие иранские языки. А современные осетины — это в большой степени гаплогруппа G (у мужчин). У женщин — надо разбираться, но судя по данным таблицы 3 — удаленные по мтДНК от русских женщин, что не удивительно. Ну и что эта таблица дает? Что осетинские женщины не сделали большого вклада в ДНК русских женщин? Я лично не удивляюсь. Думаю, что и никто не удивится. И что там «*полностью подтверждает концепцию русского этногенеза*», как утверждают авторы статьи? Неудивительно, что авторы не вынесли это в абстракт, там нечего выносить. Иначе пришлось бы написать, что русские женщины близки к балтийским и далеки от осетинок. Это, видимо, и есть «концепция русского этногенеза».




Области: VO — Вологодская, NV — Новгородская, PS — Псковская, YR — Ярославская, TV — Тверская, IV — Ивановская, SM — Смоленская, VL — Владимирская, KA — Калужская, TU — Тульская, RZ — Рязанская, OR — Орловская, LI — Липецкая, TM — Тамбовская. Светлый тон — популяции, близкие к усредненным «средним русским» по всем популяциям, темный — удаленные от «средних русских» (из статьи Morozova et al, 2011)

Авторы усреднили всех русских по «генетическим дистанциям» (про погрешности — см. выше), а затем по областям определили, какие области как отклоняются от «средних русских». Те, кто отклоняются меньше, изобразили светлым тоном, кто отклоняется больше — темным тоном. Авторы заметили, что то же самое разделение наблюдается и по Y-хромосомным «маркерам» (Гаплогруппам? Гаплотипам?). Для меня это большая новость, и я сильно сомневаюсь, что авторы понимают, что написали. Что там по гаплотипам-гаплогруппам отличается в Орловской и Владимирской областях — это какая-то мистика. Например, по данным, которые мы рассматривали в главах 7—9, в Орловской области из 42 гаплотипов 19 R1a, семь I, пять N1c1, четыре R1, четыре G, и по одному DE, J2, и K. Что там во Владимирской области может быть принципиально другое? Даже в среднем Орловская область такая же, как Россия, с 45% R1a (в России в среднем 48%) и 12% N1c1 (в России 14%).

Что в статье дальше, в отношении языка — это просто издевательство над здравым смыслом. Принцип такой, что любые цифры можно усреднять, складывать, вычитать, и почему это не сделать? Авторы усреднили «генетические дистанции» по северным, центральным, юго-западным и юго-восточным областям, и стали измерять усредненные же дистанции от мтДНК указанных выше шести языковых групп. Понятно, что дело здесь вовсе не в языках, а в географии. Получилось, ясное дело, что меньше всего расстояние от славян (потому что они и есть в основном славяне), равное –0,89±0,07 (это уже мои усреднения по их данным, но без включения погрешностей самих данных), далее — от балтов (литовцев и латышей), то есть от западно-прибалтийского региона –0,66±0,12, далее — от финно-угров (финны, эстонцы, карелы, венгры, мордва, марийцы, коми и удмурты) –0,62±0,36, далее — германская группа –0,27±0,40, тюркская (башкиры, чуваши, азербайджанцы, турки, узбеки, туркмены) +1,10±0,27, и иранская (осетины и персы) +1,33±0,18.

Что это дает, кроме совершенно очевидного? Что это говорит об «истории этнических русских» — совершенно непонятно. Чем дальше культурно и гаплогруппно, тем дальше и получается. А что, кто-то ожидал иначе? ЧТО с помощью

полученных данных удалось показать? Какую историческую загадку решить? Какую новую методологию предложить и обосновать? И, главное, по названию статьи — что этим сказало об «этнической истории русских»? Что русские — не персы и не осетины? И не туркмены с азербайджанцами? Можно было бы отложить также религию в какой-либо цифровой форме, формы жилищ, похоронные ритуалы, облаченные в номера, форму букв алфавита, и получилось бы тоже самое. Наверное, все это говорит об истории в том смысле, что история была разной, раз алфавит другой — там арабская вязь, а там кириллица, а там латинские буквы, только разве в том была задача статьи?

На этом раздел «Результаты» закончился. Минуточку, а как насчет второй половины 1 тыс. н.э., к которому, по подаче абстракта, сводится «разнообразие» мтДНК? Об этом ведь пока не было ни слова, как и о «славянских племенах» и о колонизации ими Восточно-Европейской равнины. Приехали. Добро пожаловать в популяционную генетику. Как и предсказывалось, ничего об этом найдено не было, но чтобы было типа научно и неконфликтно, просто переписали из учебника для средней школы и подали, якобы это — ура! — подтвердили, причем строгими научными методами. Изучением мтДНК.

После этого раздел «Обсуждение» можно и не читать, все уже сказано. Там сейчас, разумеется, пойдет акробатика. Но мы прочитаем. Там особенно интересно.

Первое — что данные якобы показывают деление «исторических русских» (это-то откуда? Это ведь мтДНК *современников* при полном отсутствии расчетов датировок по мутациям в гаплотипах) на три части. Итак, это «северные русские», финно-угры, и «южные русские». Да, мы знаем, что про продвижении с севера на юг в Y-хромосомах в целом уменьшается доля N1c1 и возрастает доля R1a и I1/I2. Но N1c1 — это не «финно-угры», у тех совершенно другие гаплотипы, другие субклады этой гаплогруппы. Да и что там делить — «генетические дистанции» у «северных русских» (округленно, чтобы снять «наукообразность») 5,9; 3,8; 5,8; 5,8; у «юго-западных» 6,3 и 4,8, плюс 1,7 в Орловской области. Да нет в Орловской области такого различия от остальных юго-за-

падных областей, там все перемешано. Такие различия надо по несколько раз проверять-перепроверять, а не просто бухнуть цифры, типа — смотрите, что у нас получилось. Дывитесь, громадяне.

А вся разница всего лишь в том, что в Орловской области все три основные «русские» гаплогруппы — H, U и U5 оказались по доле примерно такие же, как усредненные по России. Но поскольку авторы не рассчитывают погрешности, это сыграло с ними злую шутку. Давайте посмотрим. Погрешности пришлось рассчитать уже мне, авторы обходятся без них. Точнее, они приводят нечто (например, в таблице 3 в их статье), но там погрешности якобы на уровне сотых и тысячных долей процента. Это уже даже не смешно. Это — трагедия в отношении той же научной школы.

Ниже я рассчитывал погрешности при одной сигма (68% достоверности), но при двух сигма (95% достоверности) погрешности надо увеличить вдвое.

*Гаплогруппа H*

В Орловской области эту гаплогруппу имеют 51 человек из 115, то есть 44.3±6,2. Усредненные по России — 40,5±5,4.

*Гаплогруппа U*

В Орловской области эту гаплогруппу имеют 22 человека из 115, то есть 19.1±4.1. Усредненные по России — 20,8±6.0,

*Гаплогруппа U5*

В Орловской области эту гаплогруппу имеют 12 человек из 115, то есть 10,4±3,0, Усредненные по России — 10,9±4,8.

Посмотрим на Калужскую область, она якобы резко отличается от Орловской (отличие Орловской области от средней по России по данным авторов 1,662, Калужской — 6,296).

*Гаплогруппа H*

В Калужской области эту гаплогруппу имеют 26 человек из 70, то есть 37,4±7,3. Усредненные по России — 40,5±5,4.

*Гаплогруппа U*

В Калужской области эту гаплогруппу имеют 18 человек из 70, то есть 25,7±6,1. Усредненные по России — 20,8±6,0,

*Гаплогруппа U5*

В Калужской области эту гаплогруппу имеют 8 человек из 70, то есть 11,4±4,0. Усредненные по России — 10,9±4,8.

Как видно, Орловская и Калужская области одинаковы в пределах погрешности со средним по России по всем трем гаплогруппам — H, U и U5. Но поскольку авторы погрешности не считали, а числа малые, то не знают, что погрешности были 14%, 21% и 29% для Орловской области, и 20%, 24% и 35% для Калужской. И это — для 68%-го доверительного интервала. Для 95%-го погрешности достигают 70%.

Вот и получается, что для юго-западного региона то, что показано как «девиации» 1,662 для Орла и 6,296 для Калуги — это на самом деле одно и то же в пределах погрешности экспериментальных данных. Поэтому все синтетические карты авторов и их выводы в отношении разных групп населения — рассыпаются как карточный домик, извините за каламбур.

Это же касается и все остальных цифр в статье. На самом деле распределение («разнообразие») мтДНК по всем 14 областям России одинаковое в пределах ошибки измерения. К этому же выводу я пришел еще в 2009 году в отношении распределения гаплогрупп Y-хромосомы по областям. Повторю — все, что можно сказать — это то, что к северу (от Пскова) доля гаплогруппы N1c1 возрастает, а R1a снижается, но по областям никакой воспроизводимой закономерности нет.

Все остальное обсуждение в статье уже не имеет никакого значения, так как строится на сплошной широкой ошибке. Все обсуждение построено на ложных цифрах и закономерностях, либо просто списано у археологов. Данные по самим мтДНК по областям полезны и могут пригодиться в будущем. Все остальное — нет.

Вот и вся популяционная генетика авторов.

Послесловие. Я направил копию этой главы основному автору обсуждаемой статьи, И.Ю. Морозовой в Институт общей генетики, и предложил высказать свои соображения «в порядке дискуссии». И.Ю. Морозова вежливо отказалась.

### *Генетическая генеалогия: история и методология*

Статья опубликована относительно недавно, в журнале «Генетика» (Тетушкин, 2011). Представляет вполне добротное описание истории этой области науки, начиная от Дар-

вина, через Н. Кольцова и Ю. Филипченко и до недавнего времени. ДНК-генеалогия в статье, естественно, не описана, хотя несколько ссылок под запятую даны, в глухом, так сказать, варианте. Причина опять понятна — автор не владеет методологией и материалом ДНК-генеалогии, поскольку она не «генетическая генеалогия» и не популяционная генетика, и автор обсуждаемой статьи это фактически подтвердил.

То, что автор не владеет материалом ДНК-генеалогии, он продемонстрировал тем, что по ходу описания задел три вопроса, которые популяционные генетики как не понимали раньше, так не понимают и сейчас. Это (1) история с «модальным гаплотипом коэнов», (2) история с «популяционными скоростями Животовского», и (3) история с «мутациями в парах отец-сын». Разберем эти три случая в показательном, так сказать, варианте.

По мнению автора рассматриваемой статьи, определяющее значение для формирования идеологии и методологии «генетической генеалогии» в ранний период ее развития сыграли, в частности, публикации о Y-хромосомах еврейских священников, коэнов. С этим можно согласиться, но в двойственном варианте. С одной стороны, столь броская тема, поданная в стиле почти «желтой прессы», несомненно, привлекла внимание общественности к «генетической генеалогии». С другой стороны, то, как это обрабатывалось в научном отношении, заложило основы фантазийного и научно несостоятельного, некритичного подхода «генетической генеалогии» до настоящего времени, что, собственно, и является предметом нашего анализа. Это тут же породило и якобы 30-тысячелетнюю историю гаплогруппы R1b в Европе, и «украинское убежище гаплогруппы R1a во время ледникового периода», и «прародину» гаплогруппы R1a в южнорусских степях, назвав ее при этом почему-то «украинской» гаплогруппой.

Примерно то же произошло и с «модальным гаплотипом коэнов». То, что этому «модальному гаплотипу» как минимум 9 тыс. лет — авторы не знали и не подумали, в попгенетике альтернативных вариантов вообще не признают. Но это еще полбеды. А вот то, как анализировали данные, это уже хуже. Рассмотрим это.

В 1997 году в журнале Nature была опубликована короткая статья «Y-хромосомы еврейских священников» (Skorecki et al, 1997). Эта статья вскоре приобрела статус пионерской и легендарной. В ней было объявлено, что частота определенных гаплотипов еврейских священников отличается от частоты встречаемости гаплотипов «простых» израэлитов. В работе с помощью двух маркеров ДНК изучались гаплотипы 188 евреев из Израиля, Северной Америки и Британии. При этом те, кто не был уверен в своем коэнском происхождении, включая левитов, выводились в отдельный список «израэлитов». Так были отобраны 44 коэна-ашкенази, 24 коэна-сефарда, и 120 не-коэнов, израэлитов. Авторы, впрочем, не обмолвились, что доля коэнов в выборке (36%) намного превышает ожидаемую цифру 5%, приведенную в самом начале статьи.

В итоге авторы сообщили, что нашли ДНК-метку, которая встречается только у 1,5% коэнов, но у намного большего числа (18%) израэлитов. Другая метка, не из Y-хромосомы, взятая для сравнения, встречалась в одинаковой степени у коэнов и израэлитов. Коэны, стало быть, нормальные люди (так это читается у авторов), но отличаются меткой в Y-хромосоме от других евреев.

Курьез статьи в том, что ее главное положение, что коэны отличаются по метке в Y-хромосоме ДНК от остальных евреев, относится к 36% евреев в выборке, которые коэнами по своей доле быть никак не могут. Перефразируя авторов, данные статьи показали, что треть всех евреев, НАЗЫВАЮЩИХ себя коэнами, генетически (в смысле наследственно) отличаются от остальных евреев.

Поскольку в статье использовалась устаревшая номенклатура и гаплотипы не идентифицировались и с тех пор эти данные не перепроверялись, то сейчас трудно сказать, в чем же состояли отличия коэнов от израэлитов, которые подчеркивали авторы статьи, тем более различия более чем на порядок измеряемой величины. По современным данным таких выраженных отличий нет. Но дело было сделано, внимание к вопросу привлечено.

Через год в том же журнале вышла вторая статья на ту же тему, с заметно измененным авторским коллективом. Статья называлась «Происхождение ветхозаветных священников» (Thomas et al, 1998). В развитие высказанных ранее идей, авторы «логическим путем» обосновывают положение, что гаплотипы коэнов и левитов должны отличаться от гаплотипов других евреев и иметь общего предка не ближе, чем примерно две-три тысячи лет назад. Затем авторы рассматривают гаплотипы евреев и заключают, что с левитами эта логика не проходит, но гаплотипы коэнов действительно имеют общего предка примерно 3000 лет назад.

В статье рассматривались 6-маркерные гаплотипы (DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393) и шесть снипов (устаревшая или уже забытая номенклатура) в Y-хромосомном материале 306 евреев из Израиля, Канады и Англии, и было найдено 112 вариантов гаплотипов. Только один — получивший наименование «модальный гаплотип коэнов» (МГК) — имел наибольшую частоту у коэнов, как среди коэнов-ашкенази (45%), так и среди коэнов-сефардов (56%). МГК плюс МГК с одной мутацией наблюдался у 69% и 61% коэнов ашкенази и сефардов, соответственно. У израэлитов эти частоты были 13% (15%) и 10% (14%), соответственно (в скобках — частоты МГК с одной мутацией в шести маркерах).

Авторы оценили время, когда жил первопредок коэнов, исходя из отклонений величины аллели от средней по каждому маркеру, принимая среднюю скорость мутаций 0,0021 на маркер на поколение. Расчет проводился по пяти маркерам, маркер 388 был отброшен по причине его отклонений от «ступенчатого характера мутаций» (непонятно, почему и в чем это выражалось, но в статье это не указано). Поскольку для всех евреев в выборке это среднее отклонение было равно 0,226 мутаций на маркер, то было рассчитано, что общий для всех 306 евреев предок жил 106 поколений, или 2650 лет назад, принимая 25 лет на поколение. Авторы замечают, что при 30 годах на поколение получится 3180 лет до общего предка. Для ашкеназов и сефардов отдельно эти величины были равны (25 лет на поколение) 2619 и 2684 лет, соответственно.

К этому можно заметить, что за прошедшие со времени публикации десять лет величины скоростей мутаций

были уточнены, и для рассматриваемых пяти маркеров скорость мутации равна 0,00171 на поколение. Тогда общий предок коэнов, по данным авторов, жил 0,226/0,00171=132 поколения назад без поправки на возвратные мутации, то есть 152 поколения с поправкой, или 3800 лет назад, а еще точнее 3800±430 лет назад. А если брать 30 лет на поколение, то общий предок коэнов жил 4560±520 лет назад, то есть во времена Авраама или даже раньше.

В общем, можно считать, что полученные величины не противоречат библейским данным. Но с этим подходом есть проблемы, и принципиальные. Менее серьезной является проблема, что само введение понятия «модальный гаплотип коэнов» было неудачным, поскольку он наблюдается не только у коэнов и не у всех коэнов, но и у многих израэлитов, а также у многих арабов и вообще у многих носителей других гаплогрупп, в первую очередь J1 и J2. Многие коэны, имеющие данный гаплотип, относятся к одной из этих гаплогрупп, что в свою очередь, формально говоря, практически исключает происхождение тех или других от одного предка, звали его Аарон или как-то иначе. Наконец, этот гаплотип со временем искажается мутациями, что автоматически выводит его из понятия «гаплотип коэнов». В общем, с «модальным гаплотипом коэнов» так много исключений, что не видно самого правила. На самом деле его и не существует.

Самое главное, что сама концепция расчета общего предка, используемая в статье, в принципе порочна. Как было нами показано еще пять лет назад, подавляющее большинство евреев, носителей «гаплотипа коэнов», являются потомками по меньшей мере двух (!) относительно недавних предков, один или более из которых определенно жили уже в нашей эре, во времена Диаспоры. То, что сделали авторы обсуждаемой статьи — это просто усреднили «отклонения величины аллелей от средней» для двух разных предков, а на самом деле от нескольких, каждый из которых имеют свои генеалогические линии, потому что в своих расчетах разных предков не разделяли.

Фактически авторы измеряли «среднюю температуру по больнице». При этом время жизни «общего предка» могло получиться любое. Получилось 2650 или 3180 лет, если брать 25 или 30 лет на поколение. А взяли бы другое количество

лет на поколение — получились бы другие цифры. И проблема даже не в том, что усредняли по разным предкам, а в том, что потомки этих разных предков, разных ДНК-генеалогических линий, были представлены в выборке в разных количествах. Поэтому те, кто были наиболее многочисленны в выборке, «тянули» время рассчитываемого предка на себя. Именно потому могла получиться почти любая (в широких пределах) цифра времени жизни «общего предка», на самом деле фантомного.

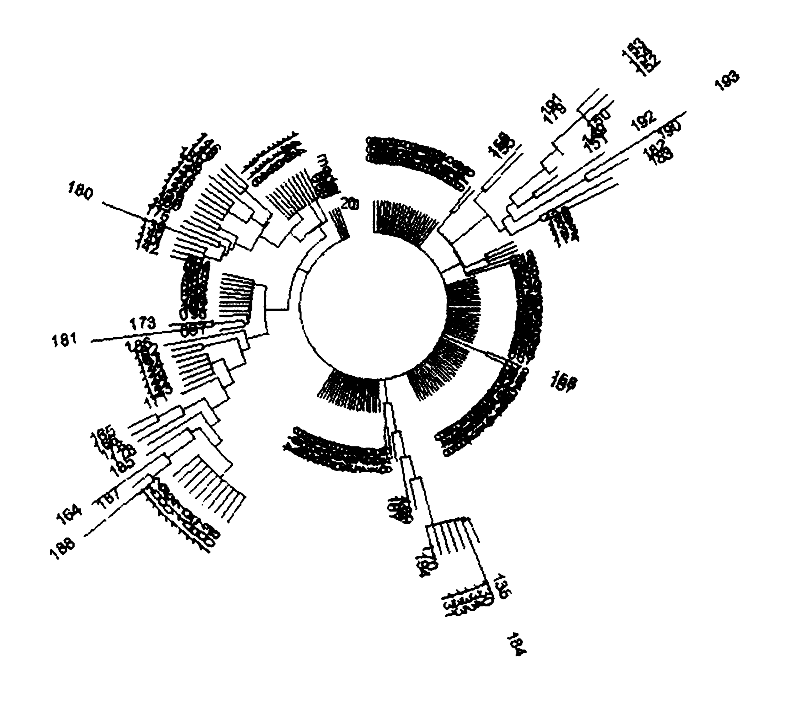
Рассмотрим, как на самом деле надо считать.

Список из 194 гаплотипов евреев гаплогруппы J был опубликован в работе Бехара и др. (Behar et al, 2003). 91 из них были идентичны друг другу:

14-16-23-10-11-12.

Это и есть тот самый «Модальный гаплотип коэнов» (МГК). В общем, уже ясно, что когда базовый (предковый) гаплотип находится в серии в количестве 91 из 194, то есть половина, то предок явно не древний. Тем не менее, авторы цитированных выше работ в журнале Nature в 1997 и 1998 годах объявили, что МГК появился больше 3 тыс. лет тому назад. Этого просто не может быть, глядя на эти гаплотипы и обращая внимание на частоты встречаемости гаплотипов в серии.

Полный набор из 194 гаплотипов содержит 263 мутации от «модального гаплотипа коэнов», то есть указывает на общего предка, жившего 263/194/0,0088=154→182 условных (по 25 калиброванных лет) поколения назад (стрелка — поправка на возвратные мутации), то есть 4550±530 лет назад. Здесь 0,0088 — средняя скорость мутаций для 6-маркерных гаплотипов. Но посмотрим на долю остаточных базовых гаплотипов: [ln(194/91)]/0,0088=86→95 поколений, 2375±340 лет назад. Разница до «одного и того же общего предка» — более двух тысяч лет. Так быть не может. Значит, там не один предок, а больше. Нельзя так считать, как считали авторы статей в Nature. И как считают, к сожалению, в десятках других статей, написанных попгенетиками. А то, что одного общего предка быть не может, показывает дерево гаплотипов. Видно, насколько дерево гетерогенно.




**Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J, построено по данным Бехара и др. (2003). В выборке — 194 гаплотипа**

Посмотрим на другую выборку, гаплогруппы J1 евреев, извлеченную из базы данных YSearch. 90 гаплотипов, в них 41 базовый и 123 мутации от точно такого же базового гаплотипа. Это дает 123/90/0,0088=155 поколений до общего предка (а в «научной выборке» было 154 поколение!) и ln(90/41)/0,0088=89 поколений («научная» выборка дала 86 поколений), без поправок на возвратные мутации, которые уже не нужны, поскольку речь о «фантомном» предке. Но в любом случае, «коммерческая» и «научная» выборка дали одни и те же результаты. Обе показывают, что предок был не один. Но обе показывают, что распределение данных ДНК-генеалогических линий у евреев является стабильным и воспроизводимым. Вот только рассматривают их авторы публикаций неверно.

Детальное изучение выборок показало, что эти выборки содержат по меньшей мере восемь (!) генеалогических линий, каждая из которых берет начало от своего общего предка, и предки эти жили (без погрешностей расчетов) 11100, 6200, 5100, 3500, 1800, 775, 1650 и 1350 лет назад. Последние две линии — «Модальный гаплотип коэнов», которых оказалось два уже в 12-маркерных гаплотипах.

Далее оказалось, что картина с «модальным гаплотипом коэнов» становится еще более курьезной, поскольку такой же гаплотип обнаружился и в другой гаплогруппе, J2. Так, в работе Бехара и др. (Behar et al, 2004) была опубликована выборка из 88 гаплотипов евреев гаплогруппы J2, 25 гаплотипов из которой были идентичны друг другу:

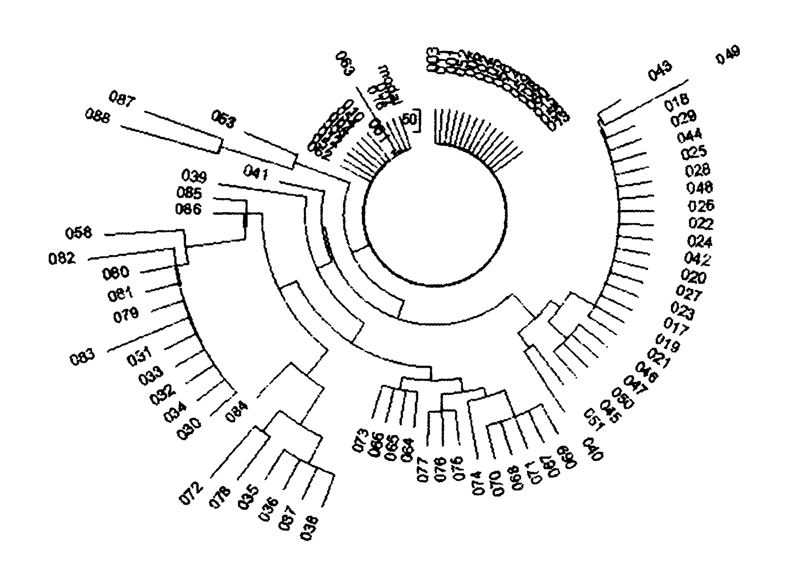
14-16-23-10-11-12.

По чистой случайности этот 6-маркерный гаплотип идентичен «модальному гаплотипу коэнов» гаплогруппы J1. Эта идентичность вызвала массу дискуссий, которые продолжаются и сейчас — почему идентичны гаплотипу коэнов, ведь это же другая гаплогруппа! А это просто причуды статистики. Случайно именно эти шесть аллелей совпали, а многие из остальных заметно различаются в «гаплотипах коэнов» гаплогрупп J1 и J2. Например, на первых 25 маркерах между ними 11 различий.

Все 88 гаплотипов содержат 160 мутаций от базового гаплотипа. По доле базового гаплотипа число поколений до общего предка равно ln(88/25)/0,0088=14 поколения, или 167 поколений с учетом возвратных мутаций, то есть 4175±930 лет назад, по мутациям — 160/88/0,0088=207 поколений, или 260 поколений с учетом возвратных мутаций, то есть 6500±830 лет. Опять разнобой, более двух тысяч лет разницы между якобы одним и тем же общим предком, значит — более одного общего предка. Но это и так видно, что в дереве гаплотипов — явно не менее трех ДНК-генеалогических линий («плоские» ветви), значит, считать их возраст надо по индивидуальным ветвям.

Проверим по другой базе данных, по другой выборке, «коммерческой». В ней — 75 гаплотипов евреев гаплогруппы J2, которые включают 15 базовых гаплотипов, таких же, как

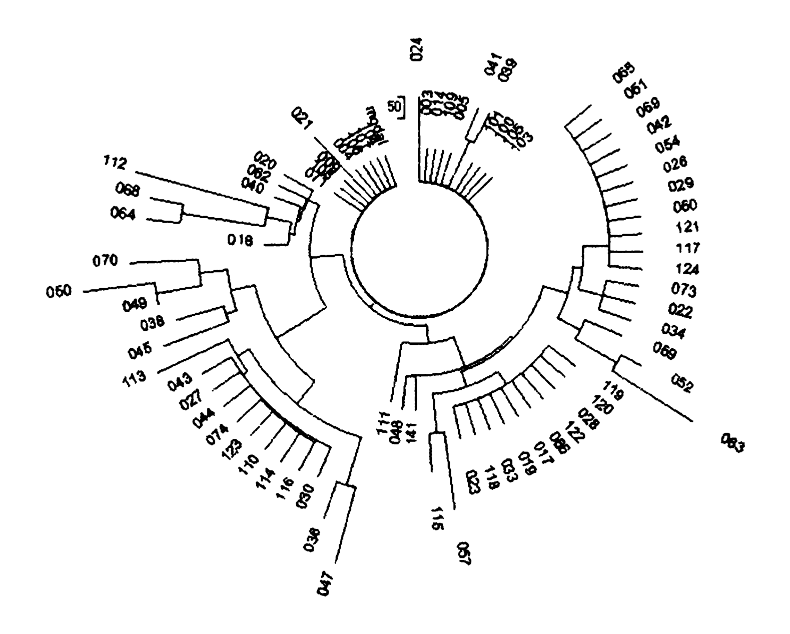
и в «научной» выборке, и содержат 135 мутаций. Это дает ln(75/15)/0,0088=183 поколения и 135/75/0,0088=205 поколений до общего предка (без поправки на возвратные мутации). Опять более одного общего предка, на что указывает и дерево гаплотипов.




**Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J2, построено по данным Бехара и др. (2004). В выборке — 88 гаплотипов**

Анализ деревьев гаплотипов показал, что у евреев гаплогруппы J2 имеется по меньшей мере пять общих предков. Те, от которых произошло наибольшее количество современных евреев гаплогруппы J2, жили 6100, 900, и 1200 лет назад (без учета погрешностей). Последняя генеалогическая линия — «модальные гаплотипы коэнов».

Эти примеры опять показывают, что нельзя рассчитывать времена до общего предка, основываясь только на числе мутаций в гаплотипах, без приложения других критериев, которые показывают, «чистая выборка» или нет, то есть происходит ли она от одного общего предка или нет.




**Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J2, построено по данным базы данных YSearch (2008). В выборке — 75 гаплотипов**

Вопрос с гаплотипами коэнов был проанализирован в наших работах, опубликованных в журнале Human Genetics (2009), и показано, что наиболее многочисленная группа потомков коэнов гаплогруппы J1 происходит от общего предка, который жил 1075±130 лет назад или 1050±190 лет назад, по двум разным выборкам, первая «академическая», вторая «коммерческая», по 67-маркерным гаплотипам.

* * *

Возвращаемся к рассматриваемой статье Е.Я. Тетушкина. Он пишет: *Scorecki et al... показали, что основная часть священнослужителей (коэны) имеют идентичные Y-STR-маркеры, которые могли быть унаследованы от первосвященника Аарона (брата Моисея), который, согласно Библии, жил бо-*

*лее 3000 лет назад (позднее, оценки частот этих маркеров у современных коэнов были значительно подправлены в сторону их уменьшения)* [обратный перевод].

Это называется — начал за здравие, кончил за упокой. Так могли быть унаследованы или «значительно подправлены», что ломает все, что сказано выше? Мало того, что фраза совершенно неинформативна, поскольку не сообщает, что значит «подправлены», на каком основании подправлены, к чему это приводит. Она, что называется, «и вашим, и нашим». Хорошая наука, неконфликтная — только и остается повторить. Вроде и так, и вроде не так, а что именно — то ли не знаем, то ли умолчим.

### *История с «популяционными скоростями Животовского»*

В обсуждаемой работе автор, Е.Я. Тетушкин, немалое внимание уделил «проблеме» со скоростями мутаций, «популяционной», или «эволюционной», и «генеалогической», которые «значительно различаются». На самом деле никакой проблемы там нет, если понимать, что первая «скорость» имеет тот же смысл, что «свалить все в кучу, усреднить и поделить на что получится», то есть никакого смысла на самом деле не имеет, а вторая применяется попгенетиками настолько неразборчиво, что имеет смысл только при случайных сериях гаплотипов, не имеющих ветвей, или отдельных ДНК-генеалогических линий, каждая со своим отдельным общим предком.

В качестве аналогии можно привести пример из химии, когда в растворе есть смесь химических реагентов, которые беспорядочно реагируют друг с другом. Пытаться описать это некой единой «константой скорости реакции» (типа «эволюционной» или «популяционной») — это не понимать сути химии. В химии само понятие «константа» в подобных случаях имеет смысл, что по мере исчерпания реагента скорость остается пропорциональной концентрации вещества ($v=kc$), и константа $k$ — это и есть показатель пропорциональности. В более общем случае для константы скорости первого порядка это записывается как $c/c_0 = e^{-kt}$, или $\ln(c_0/c)$

= kt, и здесь опять k — это константа скорости реакции, показатель пропорциональности левой и правой части приведенного уравнения. Это же уравнение обязано описывать и накопление мутаций в гаплотипах, и уменьшение количества базовых, или предковых гаплотипов в серии гаплотипов, и константа скорости мутаций обязана быть одной и той же, на то она и константа. Именно потому основным критерием в ДНК-генеалогии является совпадение величины константы скорости мутации, определяемой как по накоплению мутаций («линейный метод» расчета), так и по уменьшению количества базовых гаплотипов в серии («логарифмический метод» расчета, при котором мутации вообще не считаются).

В «популяционных» расчетах по скоростям мутаций такого нет и близко. Там берется общее количество суммарно набежавших мутаций, от разных ветвей разного возраста и происхождения и от разных предков, вся эта мешанина делится на количество гаплотипов, что и называется некой «вариацией», «разнообразием», и далее делится на некую «популяционную» скорость мутаций, вычисленную из некой абстрактной системы, не имеющей никакого отношения к реальности. Проверить-то все равно нельзя, никаких критериев проверки нет, что получится, то и получится. А разделить что-то на что-то всегда можно. А именно, в одном из вариантов («метод Животовского») берется 10 тысяч гаплогрупп (!) за все время существования человечества (!), то есть принимается идеальное перемешивание системы гаплотипов по всему человечеству во времени и пространстве. Тогда расчеты показывают, что для такой системы идеально усредненная константа скорости мутации при определенных приближениях равна 0,00069 мутаций на локус за 25 лет. При этом все локусы считаются одинаковыми, и возвратных мутаций нет, как нет и их учета. Такого на самом деле никогда не бывает.

Все это приводит к тому, что подобные расчеты применять на практике просто нельзя. А попгенетики их бездумно применяют сплошь и рядом для любых систем — и те, которые случайно оказались состоящими из одной ветви, и те, которые состоят из двух-трех ветвей, которые можно (и нужно) было бы разделить, и вообще для любых систем гаплотипов. В итоге результат оказывается совершенно непредсказуемым и потому бессмысленным.

Автор обсуждаемой статьи, Е.Я. Тетушкин, сути этого не понимает, хотя, похоже, ощущает, что что-то здесь не то. Он пишет, что согласно Животовскому и др. (Zhivotovsky et al, 2004), «средняя популяционная скорость мутаций» для Y-хромосомных STR принимается за 0,00069 мутаций на маркер на поколение, и что «генеалогическая» скорость мутаций, по мнению многих авторов, «намного выше», и что «эта сложная ситуация требует специального рассмотрения». Забавно то, что Е.Я. Тетушкин читал мою статью, в которой это «специальное рассмотрение» было специально проведено, и на нее ссылается, но то ли ее не понял, то ли понять не захотел. Это следует из того, что он пишет, что работа Животовского по «популяционным скоростям» критиковалась непрофессионально.

Давайте разберемся, у кого там непрофессионально. В ответ на мою критику в журнале Human Genetics (Klyosov, 2009a) работы (Hammer, 2009a) Хаммер с Животовским пишут в ответ (Hammer, 2009b): «*By examining Y-STR variation within Y chromosome haplogroups (i.e., defined by unique event polymorphisms) in populations with documented short-term histories, they inferred an evolutionary effective mutation rate of 0,00069 per 25 years on average... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (i.e., the effective rate was calibrated for time periods of ~ 1,000 years). Since 2004, this approach has been employed by the researchers and critically evaluated in the scientific literature (e.g., Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004: Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005)*».

Перевод: «*При изучении вариаций в гаплотипах Y-хромосомных гаплогрупп (то есть обусловленных снипами) в популяциях с документированными непродолжительными хронологиями, они пришли к выводу об эволюционных эффективных скоростях мутации 0,00069 за 25 лет... (Zhivotovsky et al, 2004). ...(то есть эти эффективные скорости были калиброваны за период времени примерно 1000 лет). С 2004 года этот подход был применен исследователями и критически рассмотрен в научной литературе (например, Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004: Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).*

На самом деле, как будет показано ниже, никакой «калибровки» в исходной работе Л. Животовского (Zhivotovsky

et al, 2004) не было. Были приведены нестыкующиеся данные, или данные вообще не приведены, и затем серией произвольных манипуляций часть данных убиралась, пока «скорости мутаций» не достигли одного порядка (именно так), которые были обозначены на «0,00069 мутаций на маркер на поколение» с погрешностью того же порядка. В последующие пять лет эта работа постоянно цитировалась с указаниями, что данные «калибровались» и «критически проверялись», пока в академическом мире в это сами не уверовали. Никакой «критической проверки», поддерживающей «коэффициент Животовского» в литературе тоже не было. К сожалению, метод продолжает применяться, давая совершенно неверные и непредсказуемые данные и приводя к совершенно ложным интерпретациям. В наших работах те же серии гаплотипов были перепроверены, и получены совершенно другие скорости мутаций, согласующиеся с нормальной «генеалогической» скоростью мутаций.

Можно между делом отметить, что из цитированных Хаммером, Животовским и др. шести работ, которые «критически рассматривали», в трех соавтором был сам Л. Животовский (Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Zhivotovsky and Underhill 2005), а остальные метод и не обсуждали, а просто бездумно использовали, так что какое уж там «критическое рассмотрение». Но здесь ситуация более «подтасовочная», чем просто бездумное использование, потому что никакой «калибровки» Л. Животовским с соавторами своей скорости 0,00069 не было и близко. Были неопределенные манипуляции с удалением некоторых гаплотипов из рассматриваемой серии, были некоторые неопределенные же пассы, которые в итоге привели к цифрам с огромными погрешностями, под которые подпадает практически любой диапазон скоростей мутаций. Говорить о «калибровке» именно величины 0,00069 — это, по меньшей мере, недобросовестность. Ниже я покажу в деталях, что там была за «калибровка».

Это — не просто демонстрация примитивного, неверного и фактически необоснованного подхода, который Л. Животовский активно насаживает в совместных публикациях по всему миру. Хуже, когда этот подход подается как «калиброванный», причем подается самим Л. Животов-

ским, который прекрасно знает, что никакой калибровки там не было. Еще хуже, что этот метод тиражируется в «академической» литературе. В статье (Athey, 2009), Whit Athey пишет (перевод): «Популяции с древними корнями подвержены эффекту популяционной динамики, то есть исчезновение многих линий и заметная экспансия других линий, плюс возможное уменьшение продолжительности поколений (почему в такой же степени не уменьшение? — *А.К.*). Все эти эффекты требуют корректировочных факторов, которые совместно могут достичь фактора, равного двум, который использует Животовский в своей часто цитируемой статье (Zhivotovsky, 2004).

На самом деле Л. Животовский использует фактор, примерно равный трем, но Athey сам начинает пускаться в манипуляции, переводя «фактор Животовского» из 0,00069/25 лет в фактор 0,00092/33,3 года, и беря одну из многих величин для скорости мутации для пар отец-сын 0,00184 (ссылку на которую он даже не дает), и получая фактор два.

Иначе говоря, идет активное использование и цитирование подхода, за которым ничего не кроется, кроме недоразумений и подтасовок.

В чем, собственно, метод состоит? Рассмотрим подробнее.

### *Суть «метода Животовского», или Как не надо считать. А также, как надо*

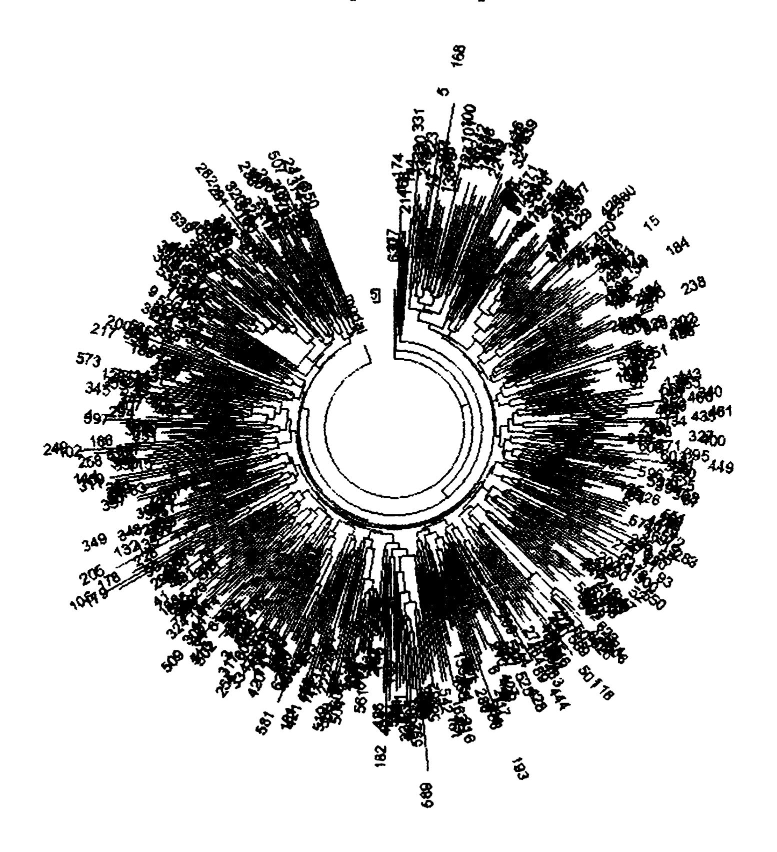
Если бы не было «генетического дрейфа», вызываемого природными катаклизмами, войнами, мором и другими причинами массовых вымираний, а также другими вариантами вымирания племен, родов и прочих популяций, а также переездом носителей гаплотипов на новые территории и начала (точнее, продолжения, но часто со сдвигом) там новых линий, то дерево гаплотипов было бы вполне симметричным и однородным, как, например, показано ниже для субкладов R1b-P312 и R1b-L21. Все несколько сотен гаплотипов каждого из этих и подобных деревьев сходятся к одному общему предку, который в показанных сериях жил 3950±400 и 3600±370 лет назад.

Но такие случаи редки, да и время здесь относительно небольшое, менее 4000 лет назад. Тем не менее, «метод Животовского» не дает рекомендаций, на каких временных показателях его применять. Хаммер с Животовским в цитированной выше статье («Response») считают, что этот метод следует применять при временах примерно 1000 лет назад, и, естественно, ранее. В данных двух случаях «метод Животовского» дал бы для популяций субкладов R-P312 и R-L21 времена общего предка 9030 и 8300 лет назад. При таких величинах интерпретация исторических событий была бы совершенно сдвинута. Вот так она и оказалась сдвинутой в недавней работе Андерхилла и Животовского с сотр. (Underhill et al, 2009), в которой времена жизни предков популяций субклада R1a1a7* 2600 лет назад были представлены как 8000 лет назад (как раз обычное 300%-ое завышение этих авторов), общие предки русских гаплогруппы R1a1a*, как «оказалось», жили 8700 лет назад, иранцев — 9400 лет назад, поляков — 11300 лет назад, кавказцев — 12200 лет назад, и так далее. Мало того, что эти цифры не имеют никакого отношения к реальности, но на их основании авторы опять — в который раз! — утверждают, что «никакого «потока» гаплогруппы R1a из Восточной Европы в Азию, в том числе в Индию, не было, во всяком случае, со времен среднего голоцена» (то есть за последние 7—8 тыс. лет).

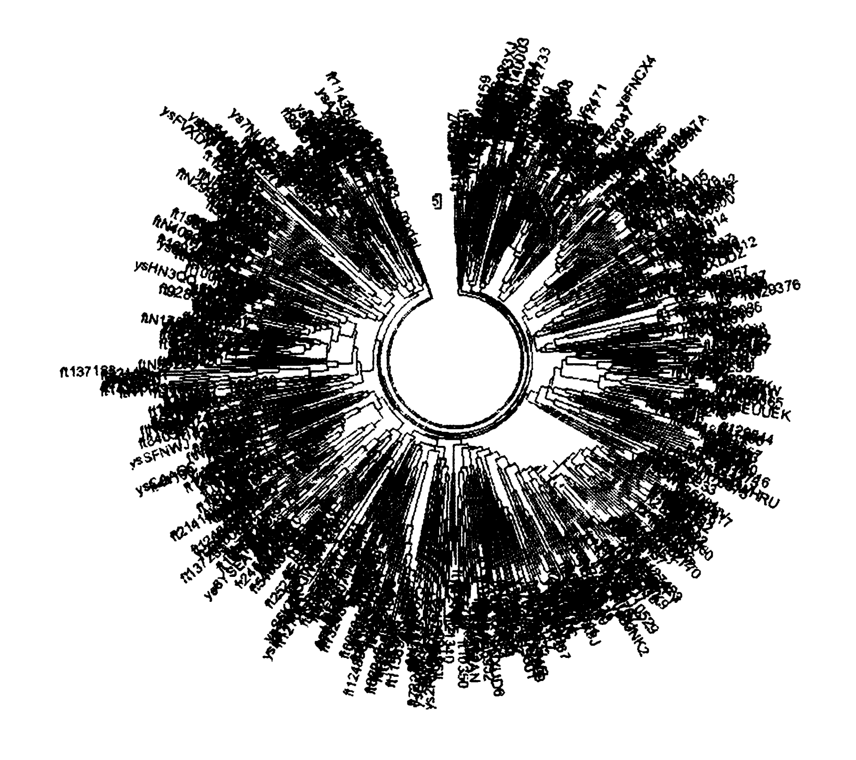
Остается поражаться не только сплошным ошибкам авторов (Underhill et al, 2009), но и отсутствию их представлений об археологии, о том, что уже давно опубликованы данные о нахождении ископаемых R1a в андроновской культуре (Северный Казахстан, Южный Урал, Южная Сибирь). О том, что гаплотипы R1a у этнических русских и индийцев практически идентичны. Иначе говоря, грубые ошибки А. Животовского и его соавторов в методологии расчетов переходят уже в системное искажение истории.

Еще пример. Приведенные выше величины 3950±400 и 3600±370 лет назад показывают, что в те времена имело место равномерное и неуклонное заселение Европы носителями гаплогруппы R1b1b2. Интересно, что в те же самые времена популяция R1a практически исчезает из Европы, и вновь заселяет Европу только 2600—3000 лет назад и позднее, а именно 2725±300 лет назад для центрально-европейской ветви R1a, 2575±300 для западнославянской ветви, 2800±350 для

северо-карпатской ветви, 2750±370 для западно-евразийской ветви, 2600±290 для балто-карпатской ветви, 2550±320 для южной евразийской ветви, 2150±300 для западно-карпатской ветви, и так далее. «По Животовскому», первые R1a в Европе должны были появиться не 10—12 тыс. лет назад, а 25—30 тыс. лет назад, что противоречит здравому и историческому смыслу, в той же степени, в какой гаплогруппа I1 должна была появиться в Европе не 21400 лет назад, а 60 тыс. лет назад. И это только I1, не говоря об I2 и родительской I.



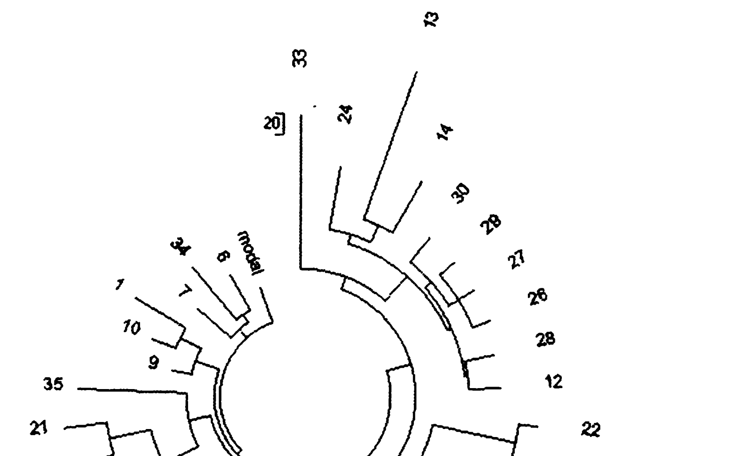
**Дерево 67-маркерных гаплотипов R1b-P312 (R1b1a2a1a1b), в выборке 464 гаплотипа**



**Дерево 67-маркерных европейских гаплотипов субклада R-L21, он же R1b1a2a1a1b3, в выборке — 509 гаплотипов**

Возвращаемся к равномерным, симметричным деревьям. Ясно, что «метод Животовского» по своей сути к ним не подходит. Никаких генетических дрейфов там не выражено, четко выявляется один общий предок, и никаких оснований занижать скачком скорость мутации нет.

В древних популяциях, как правило, из-за вымирания многих ДНК-генеалогических линий, дерево гаплотипов выглядит как набор «обрубков» ветвей. Это обрубки — результат сдвигов в базовых гаплотипах, результат «бутылочных горлышек» популяции. У каждой из этих ветвей есть свой общий предок со своим базовым гаплотипом. Из набора этих базовых гаплотипов рассчитывается время жизни общего предка для всего дерева.




**Дерево из 35 17-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т Армении, все субклада М184**

Например, дерево гаплотипов гаплогруппы Т Армении состоит из нескольких ветвей, у каждой свой базовый гаплотип, и две самые большие плоские ветви (слева внизу и справа наверху) имеют времена жизни общих предков примерно 500 и 1000 лет назад. Общий предок обеих ветвей жил примерно 7400 лет назад. Скорости мутаций при этих расчетах были ранее откалиброваны по известным генеалогиям и равны 0,034 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет), или 0,002 мутации на маркер на поколение. Расчет «чохом» по всему дереву показал наличие 246 мутаций от суммарного базового гаплотипа дерева, что дало 246/35/0,034=206→258

поколений, то есть 6450±770 лет до общего, «фантомного» предка всего дерева. Формально это в пределах погрешности расчетов с величиной, рассчитанной по двум противоположным ветвям дерева. Более детальный анализ того же дерева по всем четырем ветвям (Лабай, 2011) через месяц после публикации (Клёсов, 2011) показал, что общий предок всего дерева жил примерно 6760 лет назад, то есть в согласии с предыдущей работой. В данном случае совпадение расчета «чохом» и по отдельным ветвям было вызвано довольно хорошей симметричностью дерева, в котором «веса» ветвей уравновешивали друг друга. Но если приложить «метод Животовского», то получится 246/35/17/0,00069=599 поколений по 25 лет, то есть 14975 лет до общего предка, завышение на 220%. Естественно, была бы приведена огромная погрешность, где-то от 5 тыс. до 40 тыс. лет назад, и вопрос бы считался решенным.

При этом мало того, что получена ложная информация, но и потеряна ценная информация об истории отдельных ветвей дерева, об их базовых гаплотипах, два из которых принадлежали недавно живущим общим предкам молодых популяций Армении. То есть полностью искажается и теряется информация об истории населения страны. Поразительно, что популяционные генетики это не только не понимают, но и не хотят понимать.

Читатель может подумать, что данные «по Животовскому» всегда получаются завышенными. Ничего подобного. Они могут оказаться любыми. Никакой связи с реальностью они не имеют. В зависимости от числа гаплотипов и формы дерева они могут гулять по любому мыслимому диапазону. Вообще все расчеты Л. Животовского и тех, кто имеет несчастье использовать его «метод», можно свести к одной фразе — «это происходило давно». Во всяком случае, это будет точнее и научнее.

Далее, при таком «счете по Животовскому» игнорируется, что гаплотипы разной длины имеют разную среднюю скорость мутаций, что нужно вводить поправку на возвратные мутации, которая прогрессивно возрастает с увеличением времени до общего предка, что предок может быть один, или ветвей может быть несколько, что среди них могут быть

совсем недавние ветви, и могут быть ветви дочерние от других ветвей самого дерева. Все это игнорируется, и делится на некий постоянный для всех случаев фактор. Он просто призван «удревнить предка», насколько — не важно. Все равно никто не проверит.

Проверили. Оказалось, метод Животовского — одна большая сплошная ошибка. Он ведет «счет» как древние индейские племена: один, два, три, а что выше — «много». Вот у него и есть «много», а сколько — неважно.

Да, но как же «калибровка»? Взглянем, какая там была калибровка.

### *«Калибровка по Животовскому»*

Открываем «часто цитируемую статью» (Zhivotovsky et al, 2004). Читаем для начала резюме статьи. В нем — две фразы. В первой фразе резюме сообщает, что «Мы установили эффективную скорость мутации на усредненном тандемном локусе Y-хромосомы 0,00069 в расчете на 25 лет, со стандартным отклонением 0,00057». Для начала неплохо. Правда, в академических статьях цитируя «0,00069», не цитируют, что «стандартное отклонение» равно почти 100%, точнее, 83%. То есть в диапазоне от 0,00126 до 0,00012, более чем в десять раз. Величина 0,00126 уже близка к 0,00147 для 6-маркерных гаплотипов, с которыми Животовский в той статье и работал, только 14% разницы. Наверное, эту цифру и получил бы, если бы не манипулировал с гаплотипами по своему произволу. К этому мы еще вернемся.

Вторая фраза в резюме: «Это значение мы использовали для определения времен экспансии африканских банту, дивергенции полинезийских популяций (маори, островов Кука, и самоанцев), и происхождения популяции цыган из Болгарии».

Посмотрим, как и что они использовали.

*Африканские банту*

Раздел «Материалы и методы». Смотрим про африканских банту. Читаем — «анализировали 148 человек гаплогруппы E3a7-M191», перечисляются племена, сообщается, что анализ проводили по 10-маркерным гаплотипам.

Раздел «Результаты». Данных по банту нет, они вообще в данном разделе не упоминаются.

Раздел «Обсуждение». Банту не упоминаются.

Раздел «Применение». Говорится, что применили полученную величину 0,00069 к популяции банту, чтобы посмотреть, как это коррелирует с археологическими, лингвистическими и историческими данными. Далее говорится, что если усреднить по всем 11 племенам и популяциям, перечисленным в разделе «Материалы и методы», то получится 3400±1100 лет до «экспансии» банту в подгруппе со снипом M191. И далее: «Археологические и лингвистические данные поддерживают это значение, поскольку показывают присутствие банту в Западной Африке в неолитические времена, ~ 1000 лет до н.э., или даже 2000 лет до н.э.». И далее: «Величина 3400 лет назад может рассматриваться как нижняя граница для времен экспансии Банту... Если мы возьмем наиболее частые гаплотипы среди тех 148 хромосом как предковые, и приложим к ним величину 0,00069, то время для M191 получится 14700 лет.... В этом случае, экспансия Банту могла произойти ранее, чем 3500 лет назад». И далее идут долгие рассуждения с неопределенной концовкой.

Если это «калибровка», то что такое НЕ калибровка?

К сожалению, исходные данные (гаплотипы) в статье не приведены, ссылка статьи, что они «в сети», не дает никакого линка. Я могу только заключить, что рассматриваемая популяция банту молодая, не более 1000—1200 лет до общего предка, как это часто бывает с африканскими популяциями, только недавно прошедшими очередное «бутылочное горлышко». Ни к каким археологическим или лингвистическим данным это не имеет никакого отношения. Рассуждения в статье не имеют никакого значения в отношении рассматриваемого вопроса. Никакой «калибровки» не было и близко.

*Полинезийцы*

В разделе «Материалы и методы» сообщается, что у авторов были 22 гаплотипа маори и 23 гаплотипа с островов Кука, гаплогруппы C2-M208, и эти данные действительно приведены в Таблице 1 в статье в виде серии 10-маркерных гаплотипов у маори, 10- и 7-маркерные гаплотипов у островитян Кука, и 10-маркерных гаплотипов у четырех самоан-

цев. Далее, сообщается, что маори прибыли в Новую Зеландию не позднее, чем 800 лет назад, что именно эта величина будет далее использована в статье (то есть 32 поколения назад, поскольку авторы брали 25 лет на поколение).

Применяя квадратичный метод, авторы показали, что среднее число мутаций на маркер у маори и островитян Кука равно 0,00998, при этом самоанцев в расчет не включали, а маори и островитян считали по 7-маркерным гаплотипам. По 10-маркерным расчета (у маори, или маори и самоанцев вместе) не было. На основании этого авторы посчитали, что скорость мутации равна 0,00998/32=0,000312.

Как видно, это вовсе не 0,00069, а даже в два раза медленнее. Далее авторы заключили, что это, скорее всего, недооценка, и опять пустились в долгие и вязкие рассуждения, почему это может быть недооценкой. На этом «калибровка» этой серии гаплотипов была завершена.

*Болгарские цыгане*

Авторы сообщили — со ссылками — что цыгане прибыли в Европу 900—1000 лет назад, и что они были зафиксированы в Болгарии ~ 700 лет назад (то есть ~ 28 поколений — *А.К.*). Далее они сообщили, что анализировали 179 гаплотипов из 12 цыганских таборов в Болгарии, и что все гаплотипы имели снип M82. Далее, один гаплотип (единственный из табора Даракчи) был исключен, потому что оказался нечетным (? — *А.К.*), и усреднение по всем 8-маркерным гаплотипам дало в среднем 0,01272 мутаций на маркер, и 0,01272/28=0,000454 как средняя скорость мутаций на маркер. Заметим, что это опять заметно ниже, чем якобы «калиброванная» 0,00069. Авторы опять стали обсуждать, что это должна быть «недооценка».

После этого авторы решили пересчитать данные, внеся коррективы в исходные серии гаплотипов, а именно внеся «веса» в гаплотипы полинезийцев, и сняв ряд гаплотипов цыган. Это привело авторов к «корректировке» средней скорости мутаций в серии полинезийцев от 0,000312 до 0,000705 (!), то есть более чем в два раза. Более того, с учетом погрешности таких поправок величина средней скорости мутации стала равна 0,000705±0,000332, со стандартным отклонением по маркерам 0,00078, то есть выше, чем сама скорость мутации.

В отношении цыган авторы решили, что один табор — «Музыканты» — очень «гетерогенный», потому что их гаплотипы отличаются на две аллели в шести гаплотипах из 19 от наиболее распространенного гаплотипа. Так что «Музыкантов» сняли со счета, все 19 гаплотипов, и опять ввели «веса» по размеру популяции (что совершенно нельзя делать в случае вполне однородной серии гаплотипов, и нельзя было делать в этом конкретном случае). Получили среднюю скорость мутации 0,000725±0,000187. То есть сблизили полученные величины для полинезийцев и цыган.

Если это «калибровка», тогда непонятно, что такое «калибровка» в понимании авторов.

Наконец, используя такие же подходы, а именно вводя «веса», авторы посчитали данные для 52 популяций по всему миру (! — *А.К.*), взяв данные из литературы, и получили для средней величины скорости мутации 0,000638±0,000109. Непонятно, как это может рассматриваться как «калибровка», потому что средний возраст 52 популяций в мире определить просто невозможно.

В статье это не пояснено, но описано в общих словах, что это делалось с привлечением аутосомальных данных для трех- и четырехнуклеотидных повторов, для которых скорости мутации равны, как полагают авторы, 0,00070 и 0,00071, соответственно. Конкретных данных не показано.

Это, конечно, никакая не калибровка. Это — подгонка.

А какие скорости мутаций на самом деле применимы для полинезийцев и цыган, если не изымать гаплотипы и не вводить никаких «весов»? Давайте определим. Иначе говоря, забудем на время о «методе Животовского» и посчитаем как надо.

### *Рассмотрение гаплотипов полинезийцев и цыган без всяких «эволюционных» манипуляций*

*Полинезийцы*

У полинезийцев — маори (Новая Зеландия), жителей островов Кука, и самоанцев — в цитируемой статье суммарно было определено 37 10-маркерных гаплотипов. Дерево гаплотипов, построенное мной, приведено ниже.

Из дерева гаплотипов неясно, один предок или несколько. Проверим по критерию сходимости линейного и логарифмического методов.

Базовый гаплотип (в формате FTDNA плюс DYSA72, он же DYS461):

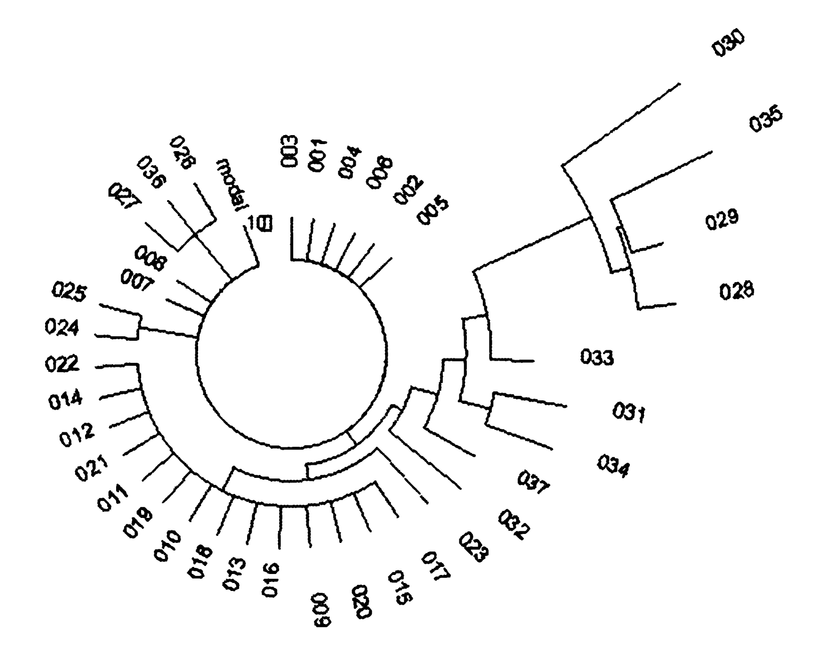
14-20-16-10-X-X-X-15-13-12-12-30 — 9

от которого все 37 гаплотипов имеют 49 мутаций. Константа скорости мутации для указанных 10-маркерных гаплотипов равна 0,018 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет). Таким образом общий предок всех 37 гаплотипов жил 49/37/0,018=74→80 поколений то есть 2000±350 лет назад.

На дереве — 8 базовых гаплотипов (на вершине дерева). Это дает [ln(37/8)]/0,018=85→93 поколения, то есть 2325 лет. Это — в пределах погрешности расчетов. На самом деле разница в 16% между логарифмическим и линейным методами может означать небольшую примесь потомков еще одного общего предка в серии, но погрешность от этого, как мы видели, невелика.

Если же попытаться использовать «скорости Животовского» 0,00069 мутаций на маркер на поколение, то получится 49/37/10/0,00069=192 поколения до общего предка, то есть 4800 лет до общего предка рассматриваемой группы гаплотипов. Напомним, что авторы цитируемой статьи использовали время прибытия 800 лет назад. Потому и получили до смешного малую среднюю скорость мутации. Более того, авторы не понимают простого положения, что прибыть полинезийцы могли 800 лет назад, но это вовсе не означает, что это есть начало ДНК-генеалогической линии. Если они прибыли группой, то «принесли» общего предка популяции с собой. Иначе в США гаплотипы группы R1b все имели бы общего предка в 1620 году. Вот этот примитивизм мышления и интерпретации данных тоже несколько удивляет. Но удивляет не сильно, глядя на примеры, приведенные ранее в этой статье.

Вот такая цена «калибровки» Л. Животовским. Им была взята неверная величина, и по неверной «откалибровано».




**Дерево 10-маркерных гаплотипов полинезийцев гаплогруппы С2. В выборке — 37 гаплотипов. Источник гаплотипов — статья (Zhivotovsky et al, 2004)**

*Болгарские цыгане*

Гаплотипы цыган были определены у 179 человек из двенадцати болгарских таборов (Zhivotovsky et al, 2004). На удивление, у всех гаплотипы похожи, явно от общего предка. Напрашивается объяснение, что в Средние века в Болгарию пришел очень ограниченный контингент цыган, может, всего один табор. Остальные, видимо, не прошли «бутылочное горлышко» популяции, и всего один патриарх дал выжившее потомство. Или патриархами были близкие родственники.

Рассмотрим гаплотипы цыган как в 6-маркерном, так и в 8-маркерном вариантах, чтобы сделать пример еще более наглядным, и проверить воспроизводимость нашего подхода. В цитированной статье были приведены 8-маркерные гаплотипы, но с произвольными удалениями, как показано выше.

*6-маркерные гаплотипы.*

В наиболее многочисленном таборе «Рудари» 62 человека из тестированных 67 имели следующий гаплотип:

15-12-22-10-11-12.

Этот же гаплотип имели 12 из 13 человек табора «Кальдераш», 9 из 24 человек табора «Лом», все четверо тестированных из табора «Торговцы», 20 из 29 из табора «Калайджи», 12 из 19 из табора «Музыканты». В остальных гаплотипах мутаций тоже мало. Ясно, что гаплотипы «молодые», и им действительно всего несколько сотен лет.

Всего на 179 гаплотипов тестированных цыган пришлось 34 мутации, что дает 34/179/0,0088 = 22±4 поколений до общего предка, то есть 550±100 лет назад. Действительно, Средние века.

Сравним с расчетом по остаточным базовым гаплотипам. Их — 146 из всех 179. Это соответствует 23±3 поколению до общего предка (ln 179/146, деленное на 0,0088), или 575±75 лет назад. Практически, то же самое время.

Итак, и у цыган нормальная ДНК-генеалогия, при которой имеется весьма жесткое соответствие между числом убывающих базовых гаплотипов и накоплением мутаций в их производных. Не нужно было манипулировать с гаплотипами и удалять неугодные. Все гаплотипы там были на своих местах.

Из независимых источников, присутствие цыган в Болгарии было отмечено 700 лет назад (Zhivotovsky et al, 2004). Однако, эти сведения не обязательно точны, они могут относиться к другим цыганам, не обязательно гаплогруппы H1, потомство у первых цыган могло не выжить, и так далее. Тем не менее, 550—575 лет назад — это вполне удовлетворительное совпадение.

*8-маркерные гаплотипы*

При переходе к 8-маркерным гаплотипам базовым гаплотипом стал следующий:

15-12-22-10-11-12 — 14-16,

где последние два — маркеры DYS389-1 и 389-2. Они добавили во всех 179 гаплотипах 25 мутаций, то есть стало 59 мутаций. Это дает 59/179/0,013=25±4 поколений до общего

предка, то есть 625±100 лет назад. Практически, то же самое, что и для 6-маркерных гаплотипов (34/179/0,0088=22±4 поколений до общего предка, то есть 550±100 лет назад).

В 8-маркерной серии — на 20 базовых гаплотипов меньше, чем в 6-маркерной серии, то есть 126. Получаем [ln(179/126)]/0,013=27±4 поколений до общего предка. Практически та же самая величина, 675±100 лет до общего предка.

Остается только гадать, как Л. Животовский получил примерно такую же величину (700 лет) при величине средней скорости мутации 0,000454, которая после некоторых манипуляций превратилась в 0,000725, а потом и в 0,00069.

Вот такая цена его «калибровкам».

### *Заключительные слова*

Осталось с интересом перечитать слова Хаммера и самого Животовского в их последней статье (октябрь 2009): «При изучении вариаций в гаплотипах ...в популяциях с документированными непродолжительными хронологиями, они пришли к выводу об эволюционных эффективных скоростях мутации 0,00069 за 25 лет... (Zhivotovsky et al, 2004)... (то есть эти эффективные скорости были калиброваны за период времени примерно 1000 лет). С 2004 года этот подход был применен исследователями и критически рассмотрен в научной литературе» (например, Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004: Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

Посмотрим, как, например, первый автор в этом списке «критически» рассматривал «метод Животовского». Они рассматривали популяции в Северной Африке, и решили рассчитать время до общего предка. Опять повторив мантру про «effective mutation rate calibrated by historical events (Zhivotovsky et al, 2004)» (мы сейчас знаем, что это была за «калибровка по историческим событиям»), они получили для гаплогруппы E3b2 величину 6900 лет до общего предка. Видимо, «критическое рассмотрение» состояло в том, что, не доверяя «методу Животовского», они пересчитали эти данные с помощью метода Кайзера для пар отец-сын, но, чтобы подтянуть данные к «методу Животовского», взяли для

результатов «по Кайзеру» уже 30 лет на поколение. Получили 4200 лет до общего предка. Взяли бы 25 лет на поколение, как у Л. Животовского, получили бы 3500 лет для гаплогруппы E3b2, а не 6900 лет. В итоге авторы составили таблицу, в которой дали две колонки цифр — одну «по Животовскому», с поколением в 25 лет, другую «по Кайзеру», с поколением в 30 лет. «По-Животовскому» везде было в два раза выше. Так параллельно и обсуждали, не имея понятия, какие цифры им стоит обсуждать. К заключению о том, какие времена правильнее, так и не пришли. Видимо, это и есть «критическое рассмотрение».

Вот так рождаются басни про «калибровку» и «критическое рассмотрение». Хороший пример манипуляций и подтасовок в академической науке. Хороший пример того, чего нужно сторониться.

В итоге в этой части «академической науки» создалась некая эшелонированная оборона, в которой действует «циклический аргумент» о том, что якобы метод проверен и «калиброван», критически рассмотрен в литературе и таким образом доказан. Поскольку в этой «академической науке» задействованы авторитеты, то мало что понимающие в расчетах, «популяционные генетики» бездумно цитируют дефектный подход, что в свою очередь подается авторитетами как «критическое рассмотрение» и дополнительное обоснование метода. На самом деле не было ни калибровки, ни обоснования, ни критического разбора. Точнее, критический разбор был, и не один (см., например, Klyosov, 2008b, Клёсов, 2009e, Dienekes, 2008). Последний был озаглавлен «How Y-STR variance accumulates: a comment on Zhivotovsky, Underhill and Feldman (2006)» (http://dienekes.blogspot.com/2008/07/how-y-str-variance-accumulates-comment.html).

Более того, этот подход уже давно служит предметом насмешек среди людей, понимающих в расчетах, например, на форуме RootsWeb, но «авторитеты» эти обсуждения игнорируют, продолжая говорить о «калибровке» и «критическом разборе». Мотив простой — эта критика не была опубликована в «академической печати».

Наконец, критика опубликована (Klyosov, 2009a). Ответ авторов «подхода» и тех, кто его применяет, последовал (Hammer et al, 2009b).

Что же в ответе? Восемь положений. Что же посчитали главным авторы ответа?

1. Оппонент (то есть я) выступил с критикой слишком быстро, что «не есть в интересах основательного научного процесса».

2. В свой критике я ссылаюсь на недоступные и неопубликованные работы (в печати в JoGG)

3. Использую нестандартную терминологию, как, например, «логарифмический» и «линейный» методы.

4. Я сделал неверный вывод, что гаплотипы образуют «генеалогию» и к ним могут применяться «генеалогические» подходы (то есть не «популяционные»).

5. Я не учитывал «генетический дрейф» или «никакие другие особенности мутаций в микросателлитах».

6. Авторы не знают, насколько мой метод применим к их системе.

7. Применяемый метод Животовского правильный, откалиброван и критически рассмотрен в научной печати.

8. Применяемые мной «деревья гаплотипов» являются интересными и могут быть в высшей степени полезными, но к ним нужно относиться с «большой осторожностью».

Положение (1), конечно, вызывает смех. Авторы, видимо, не в курсе, что «метод Животовского» уже давно вызывает насмешки, что я его давно и детально разобрал, и на это описание не нужно времени.

Положение (2) можно было бы принять, если бы не русскоязычные Л. Животовский и Т. Карафет в авторах. Один вопрос мне в частной переписке, если они не умеют пользоваться Интернетом, и я бы дал им ссылки на работы, на которые они легко могли бы взглянуть. Мог бы и выслать. Если бы они хотели. Но желания, явно, не было.

Положение (3) — авторы просто не владеют предметом. Логарифмический метод в химической кинетике существует уже десятки лет. Он подробно и в азбучном варианте изложен в учебнике И.В. Березина и А.А. Клёсова «Практический курс химической и ферментативной кинетики», который уже более 30 лет служит основным учебником по данному предмету для университетов. Опять — короткий вопрос со стороны ЛЖ или ТК, и они узнали бы для себя много нового. Но не захотели.

Положение (4) — авторы просто не поняли, о чем речь. А речь о том, что дерево гаплотипов можно разложить по ветвям, и к каждой ветви приложить «генеалогический подход» и «генеалогическую скорость мутаций». А вот обрабатывать все дерево чохом, как делают авторы, в общем случае неверно.

Положение (5) — авторы опять не поняли, что разложение дерева по ветвям — это и есть учет «генетического дрейфа».

Положение (6) — в моем «Комментарии» все описано. Авторы просто не захотели, или не смогли разобраться.

Положение (7) — неверно и подтасовочно. В настоящей статье я это еще более подробно описал.

Положение (8) — наконец-то разумные слова. Следует, правда отметить, что к «методу Животовского» слова про «осторожность», по мнению авторов, видимо, неприменимы. Там осторожность не нужна. Это только к другим авторам относится.

Воистину, двойной стандарт еще и забавен.

Хочу еще раз подчеркнуть, что вклад авторов в биологическую сторону вопроса сомнению не подлежит. Но когда авторы полагают, что они знают, как вести расчеты динамики мутаций в гаплотипах, что определенно НЕ их сильная сторона, когда занимаются подтасовками, искажениями и преувеличениями, то мое уважение к ним сильно падает. Хотя авторам есть оправдание — их фактически ввел в заблуждение метод Л. Животовского, которому они просто доверились. Вред, который последний нанес ДНК-генеалогии свои «методом», еще будет оценен, и будет определенно оценен как вред немалый.

### *История с «мутациями в парах отец-сын»*

В рассматриваемой работе автор, Е.Я. Тетушкин, сетует, что калибровка скоростей мутаций, основанная на археологических «и прочих непрямых свидетельствах» часто «очень неточна и ненадежна», а вот прямые результаты скоростей мутаций по парам отец-сын якобы намного точнее, если только убедиться, что нет проблемы с отцовством. Тогда можно просто разделить число наблюдаемых мутаций на

число мейозов. И в качестве примера автор приводит недавнюю работу Ballantyne et al (2010) по установлению скоростей мутаций для 186 маркеров почти в 2000 пар отец-сын.

Этим «теоретикам» в популяционной генетике, которые сами не считают, но думают, что все так просто и надежно, можно только порекомендовать опробовать свои рекомендации самим. На самом деле то, что приводится в статье Ballantyne et al (2010) и других подобных статьях, совершенно неприменимо для реальных расчетов в ДНК-генеалогии. Может в судебной практике это и полезно, но не при расчетах времен жизни общих предков.

На первый взгляд кажется, что в той статье — замечательная статистика, и вот наконец-то получены данные, которые позволят откорректировать скорости мутаций для протяженных гаплотипов и вывести ДНК-генеалогию на новый количественный уровень. Закончились споры и дискуссии, какие величины скоростей мутации самые правильные, и осталось только щелкать древние (и современные) гаплотипы как орехи. Видимо, этой эйфорией прониклись и сами авторы, поскольку в абстракте статьи написано черным по белому, после фразы, что теперь можно анализировать как близких, так и удаленных родственников «This finding is expected to revolutionize Y-chromosomal applications...»

Увы, не тут-то было.

Во-первых, поскольку мутации в гаплотипах обычно редки, то этих почти двух тысяч пар отец-сын явно недостаточно для хорошей статистики. Во многих маркерах мутаций не было вообще, в большинстве маркеров по одной-две-три мутации на все две тысячи пар, что вовсе немного для статистики. Понятно, что если мутаций в маркере вообще нет, то он остается неохарактеризованным. Одна мутация означает статистическую погрешность плюс-минус 100%, поскольку где одна мутация, то там легко могло быть две или ни одной. Это можно показать и количественно, в терминах математической статистики. Две мутации — это погрешность примерно плюс-минус 70%. Ясно, что о расчетах на основе отдельных маркеров здесь не может быть и речи. Не случайно в предыдущих статьях на эту тему я писал, что для статистически надежных данных нужны серии из сотен тысяч, а то

и миллионов пар отец-сын, что практически нереально, пока, во всяком случае.

Во-вторых, для каждого маркера изучалось разное количество пар отец-сын. Это почти неизбежная проблема в таких массовых исследованиях, поскольку часто имеют место сбои, аллели не определяются, лаборанты ошибаются, а переделывать — дорого и неохота. Скорее второе, чем первое. В итоге итоговая таблица данных выглядит как лоскутное одеяло, с массой прорех. Но это самая незначительная проблема, поскольку данные можно пересчитать на некую «нормированную» величину, что мы ниже и сделаем двумя способами.

В-третьих, авторы не ориентировались на ДНК-генеалогию, а преследовали свои цели. В итоге ряд важных маркеров определен вообще не был, а именно из 37- и 67-маркерной панелей. Поэтому для этих расчетов, с использованием наиболее ценных, протяженных гаплотипов, данные обсуждаемой статьи вообще непригодны.

В-четвертых, и это очень важно, данные в парах отец-сын имеют принципиальный, системный недостаток в рамках понятий ДНК-генеалогии. Они позволяют рассчитать скорости мутации только НА ПОКОЛЕНИЕ, просто по определению. А исторические расчеты, понятия, исследования ведутся в годах. Переход же от числа поколений к числу лет принципиально невозможен со сколько-нибудь приемлемой точностью. Этот «коэффициент» — величина плавающая, и меняется от эпохи к эпохе, от культуры к культуре, и вообще зависит от массы факторов. В разных работах популяционных генетиков он варьируется от 18 до 35 (как минимум) лет. Соответственно, при этих величинах число лет будет варьироваться почти в два раза, и вся точность определения скоростей мутаций в парах отец-сын сводится на нет. Один выход из ситуации — калибровать полученные данные по историческим и генеалогическим данным, что мы и так делаем без тех хлопот.

Это — к «революционированию» науки, о чем в состоянии эйфории воскликнули авторы статьи. Как видно, революционирования особого не видно, хотя исследование полезное, как мы ниже покажем. Вся его полезность в основном сводится к тому, что показывает, что наши значения скоро-

стей мутации, определенные эмпирически, вполне согласуются — по порядку (!) — с расчетами по парам отец-сын.

Напомним сначала основные положения нашего эмпирического подхода и соответствующие величины констант скоростей мутации для разных протяженных гаплотипов, а потом посмотрим, что в этом отношении дают результаты рассматриваемой статьи.

Принципиальная методология нашего подхода описана во многих статьях. Число мутаций в сериях гаплотипов может рассматриваться с применением любого из четырех основных методов: «линейный», «логарифмический», «квадратичный» и «пермутационный». Самый простой — логарифмический, в котором и мутации считать не нужно, считаются только немутированные гаплотипы, и берется логарифм отношения числа всех гаплотипов в серии к числу немутированных гаплотипов и далее к средней скорости мутации маркеров в гаплотипе. Но перед этим необходимо убедиться, что вся рассматриваемая серия гаплотипов происходит от одного общего предка. Это, впрочем, непременное требование ко всем четырем методам расчетов. На это есть критерии, которые применяются к дереву гаплотипов рассматриваемой серии. Для линейного метода необходимо определить среднее число мутаций на маркер в данном гаплотипе, разделить на среднюю скорость мутаций и сделать поправку на возвратные мутации. Такую поправку необходимо делать и в логарифмическом методе. В квадратичном и пермутационном методах поправки на возвратные мутации делать не нужно, но эти два метода особенно чувствительны к примесям гаплотипов от других общих предков.

В любом методе необходимо использовать среднюю скорость мутации — на маркер или на гаплотип:

Для 12-маркерных гаплотипов — 0,020 мутаций на гаплотип, или 0,00167 мутаций на маркер,

Для 25-маркерных гаплотипов — 0,046 мутаций на гаплотип, или 0,00183 мутаций на маркер,

Для 37-маркерных гаплотипов — 0,090 мутаций на гаплотип, или 0,00243 мутаций на маркер,

Для 67-маркерных гаплотипов — 0,12 мутаций на гаплотип, или 0,00179 мутаций на маркер,

Для 111-маркерных гаплотипов — 0,198 мутаций на гаплотип, или 0,00178 мутаций на маркер.

Эти скорости мутаций откалиброваны при величине 25 лет на поколение. Последнее — фиксированная математическая величина, а не какое-либо иное соображение. Дело в том, что при расчетах в ДНК-генеалогии, исходя из числа мутаций или числа немутированных гаплотипов в серии, всегда получается величина <kt>, где k — это средняя скорость мутаций (или константа скорости мутаций), и t — число поколений до общего предка серии гаплотипов. Например, ранняя серия данных для Клана МакДоналдов гаплогруппы R1a («Красная подгруппа» в номенклатуре Клана) содержала 44 мутации в 68 12-маркерных гаплотипах, и в последнем варианте (сентябрь 2011 года) было 81 мутации в 143 12-маркерных гаплотипах. Поскольку мы знаем, что общий предок всей группы, Джон, Лорд Островов, жил (в контексте данного исследования) 650 лет назад (он умер в 1386 году, то есть 624 года назад), то мы считаем это как 26 поколений по 25 лет каждое. Иначе говоря, мы калибруем константы скорости мутаций при заданной математической величине в 25 лет на поколение. Мы могли бы положить это как 13 поколений при 50 годах на поколение, и получили бы тот же результат, а именно 650 лет до общего предка. Просто скорость мутации стала бы вдвое выше.

Давайте посмотрим, что получается. Задавая 26 поколений до общего предка (при 25 годах на поколение) получаем 12-маркерные гаплотипы, для ранней и последней серий гаплотипов:

44/68/26=0,025±0,004 мутаций на гаплотип на поколение,

81/143/26=0,022±0,002 мутаций на гаплотип на поколение.

Из 143 гаплотипов 86 были одинаковыми, то есть базовыми. Применяя логарифмический метод, получаем: [ln(143/86)]/26=0,020±0,002 мутаций на гаплотип на поколение.

Видно, что эти величины равны в пределах погрешности. Более детальные последующие исследования со многими сериями гаплотипов позволили уточнить константу скорости мутации как 0,020±0,001 мутаций на гаплотип на поколение.

Таким же образом калибруются и более протяженные панели гаплотипов, и не только по Клану МакДоналдов, а по многим документальным генеалогиям. Это детально описа-

но в недавней статье в англоязычном журнале «Успехи антропологии».

В то же время данные Ballantyne et al для индивидуальных маркеров не могут быть использованы для расчетов, поскольку статистики там практически нет. Так, для числа мутаций по почти 2000 пар отец-сын для первых 12 маркеров, а именно 3, 2, 7, 5, 3, 6, 0, 0, 6, 9, 1, 6, статистические погрешности, или доверительные интервалы соответственно равны (при 95% надежности) соответственно плюс-минус 115%, 141%, 76%, 89%, 115%, 82%, данных нет, данных нет, 82%, 67%, 200%, 82%. Ясно, что с такими погрешностями в расчетах делать нечего.

Расчеты показывают, что для того, чтобы пары отец-сын дали статистически значимые константы скорости мутации для индивидуальных маркеров, должно наблюдаться не менее 400 мутаций в каждом локусе (это даст погрешность ±10% при 95%-й надежности расчетов). Это условие будет выполняться для минимум 800 тысяч (!) пар отец-сын, и даже при этом наиболее медленные маркеры дадут всего одну или несколько мутаций на локус. Но даже и в этом случае полученные константы скорости мутации будут относиться всего к одному поколению, и не будут применимы для расчетов TMRCA в годах, а в исторических науках в поколениях не считают. Так что опять придется подгонять к уже известным величинам констант скоростей мутаций. Круг замкнулся.

Вот такая популяционная генетика с ее надеждами, что пары отец-сын — это то, что нужно для повышения надежности расчетов. «Страшно далеки они от народа», эти популяционные генетики.

### *«Автохтонные» и «индоевропейские» гаплотипы группы R1a на юге Индии: очередная проблема с популяционными генетиками*

Это стало традицией, и уже не печальной, а рутинной. Появляется очередная статья «титулованных» (или начинающих, разницы нет) популяционных генетиков, иногда с примкнувшими к ним лингвистами (как в данном случае), которые тоже ничего не понимают в ДНК-генеалогии, и уже

ясно, что толк от статьи будет только в виде приложения со списком гаплотипов. Саму статью можно не читать, чтобы не расстраиваться.

А расстраиваться есть чему — уже который год эти и другие попгенетики производят совершенный мусор, другого названия их продукции нет (кроме списка гаплотипов, да и то в этом случае, как часто бывает, авторы выбросили из него два локуса, потому что не умеют с ними работать. В итоге из 19-маркерных гаплотипов в списке оставили 17-маркерные, но и на том спасибо). Поскольку авторы, как обычно, применили «метод Животовского» для расчета датировок, то, как обычно, получили сапоги всмятку, с ошибками датировок примерно между лишними 100% и 300%, то есть ошиблись в 2—4 раза. Если бы ошибка была систематической, то есть одной и той же, то еще куда ни шло, можно было бы внести стандартную поправку. Но с этой «популяционной константой Животовского» ошибка всегда разная и зависит от того, какие именно гаплотипы, насколько древний предок, какое соотношение между ветвями в популяции, то есть их относительная численность, и так далее. Это все варьируется от серии к серии гаплотипов, поэтому получаемые данные не только завышенные, но вообще не имеют никакого смысла.

Так, для гаплогруппы R1a в Индии авторы получают датировки общих предков от 10 до 15 тыс. лет назад, и, понятное дело, тут же утверждают, что это не арии, потому что арии в Индию «по некоторым данным» пришли только «примерно 3 тыс. лет назад». На самом деле мы понимаем, что по «популяционным скоростям» это как раз могут быть арии, но поскольку без специального анализа их списка гаплотипов это утверждать нельзя, то утверждать по их данным вообще ничего нельзя.

Авторы, однако, уверовав, что это не арии, пишут, что по датировкам это должны быть «автохтоны», а поскольку они, эти гаплотипы, принадлежат отчасти высшим кастам, то авторы уже пишут, что касты были созданы много ранее прибытия ариев, которые, судя по полученным данным, в Индию вообще не приходили. И начинаются долгие и бессмысленные рассуждения об истории Индии, о временах «социальной стратификации» на основе полученных данных, о временах продвижения туда сельского хозяйства, и о том, что

полученные датировки хорошо коррелируют с этими временами. На самом деле там НИЧЕГО НИ С ЧЕМ не коррелирует, потому что результаты статьи неверные и лишенные смысла. То есть если называть вещи своими именами — это подтасовки.

Что забавно — это то, как авторы на многих страницах тщательно описывают математическую и статистическую обработку данных, как ведут расчеты с точностью «до 95%», как гоняют гаплотипы по программам по 5 тысяч повторов, и методом Монте-Карло по 500 тысяч раз... Но это все — опять же бессмысленно, поскольку сама методология расчетов неверна. Расчеты «разнообразий» (diversity) гаплотипов, столь любимые попгенетиками, тоже практически ни для чего в статье не используются. Что толку сообщать о том, что «разнообразие» среди всех популяций равно 0,886, среди племен 0,796, среди каст 0,881? После этой «информации», авторы к этим цифрам и не возвращаются. Это у них ритуал такой. А поскольку в этих «разнообразиях» перемешаны все гаплогруппы и их ветви, и старые и молодые, и разной численности, то смысла в них действительно никакого нет.

Авторы решили, что если гаплогрупп много и «разнообразие» высокое — то это «автохтоны», которые появились в Индии в позднем плейстоцене (30—10 тыс. лет назад) — в такие попала, в частности, и гаплогруппа R1a. А те, которых меньше по численности и которые помоложе — то, значит, пришельцы из Западной Евразии в ходе последних 10 тыс. лет, в число которых попали J2, E, G, L3. Понятие «бутылочных горлышек» популяции авторам, видимо, неведомо. Или они его своеобразно понимают, хотя жонглируют словами «дрейф», «эффект основателя» и подобными. Хотя дальше авторы пишут, что ВСЕ гаплогруппы в Индии имеют возраст свыше 10 тыс. лет. Это понятно, поскольку с помощью «метода Животовского» завышают возраст всех гаплогрупп в 3—4 раза. Естественно, рассчитывают опять же любимые индексы $F_{st}$, опять, естественно, не разделяя гаплогрупп.

Поэтому читать статью действительно не стоит. Кроме, пожалуй, того, чтобы узнать, откуда взялись гаплотипы в Приложении к статье. А затем взять эти гаплотипы и провести свой анализ. Чтобы от той статьи был хоть какой-то прок.

Мы и провели свой анализ всех 1680 17-маркерных гаплотипов, собранные в 12 племенах и 19 кастах крайнего юга

Индии, штата Тамил Наду. Это — крайняя юго-восточная провинция Индии. Жители племен были из удаленных деревень тропических лесов, члены каст тестировались, в частности, в колледжах. Брамины принадлежали к четырем популяциям, все «индоевропейские». Одна относительно небольшая по численности, со «средним» социальным рангом (язык — саураштри), три остальные — «высокого» социального ранга, их язык по рождению — санскрит. 82% гаплотипов, по данным авторов, относятся к семи гаплогруппам — H1-M52 (17,4%), F*-M89 (16,3%), L1-M27 (14,0%), R1a1-M17 (12,7%), J2-M172 (9,4%), R2-M124 (8,2%), H-M69 (4,7%). Остальные, минорные, относились к гаплогруппам C-M130, E-M96, G-M201, H1a-M197, J-M304, J2a1-M47, J2a3-M68, K-M9, L3-M357, O-M175, P-M45, R-M207.

Не буду утруждать читателя детальным разбором данных, это все опубликовано. Ссылки есть в прилагаемом списке литературы.

А что вообще ожидалось найти? Ожидаем ли мы получить что-то новое и необычное? Ведь индийские гаплотипы гаплогруппы R1a мы рассматривали немало раз, все это было опубликовано. Мы знаем, что в Индии есть два «типа» гаплотипов группы R1a, одна «автохтонные» (пришли, скорее всего, с востока, со стороны Алтая и/или Северного Китая примерно 12—13 тыс. лет назад, от них остались ветви с общим предком давности 7—8 тыс. лет), другие «индоевропейские», арии, прибывшие в Северную Индию примерно 3500 лет назад. Последние по своим базовым гаплотипам близки к таковым на Русской равнине, и в 67-маркерном формате имеют вид

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 17– 15 9 10 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11 — 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13,

или

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 17 — 15 9 10 11 24 14 20 32 12 15 15 16 — 11 12 19 23 16 16 18 19 **34** 38 **13** 11 — 11 8 17 17 8 **11** 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13,

или

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 17– **16** 9 10 11 24 14 20 32 12
15 15 16 — 11 12 19 23 **15** 16 18 19 35 **40** 14 11 — 11 8 17 17
8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23 21 12 12 11 13
11 11 12 13.

Первый базовый гаплотип относится к субкладу R1a-Z280 (центральный евразийский), общий предок которого жил 4900±500 лет назад, второй — R1a-Z93-L342.2 (юго-восточный евразийский), с общим предком, жившим в те же времена, 4900±500 лет назад, третий — R1a-Z93-L342.2-L657, с общим предком примерно 4400±470 лет назад (см. ниже). Как видно, базовые гаплотипы их почти идентичны. Более детальный анализ показывает, что их общий предок относился к евразийской ветви Z283 и жил примерно 5500 лет назад, видимо, в Европе. От него разошлись и центрально-европейская ветвь, и скандинавская, и центрально-азиатская, и южно-восточная, и арийская (степная) ветвь, как подветвь южно-восточной ветви, и далее подветвь L657.

R1a L62
R1a1 SRY10831.2
R1a1a M198, M17
R1a1a1 M417
R1a1a1b1 Z283 (евразийская ветвь)
R1a1a1b1a2 Z280 (центральная евразийская)
R1a1a1b1a3 Z284 (скандинавская ветвь)
R1a1a1b2 Z93 (юго-восточная ветвь)
R1a1a1b2a Z94 (молодая юго-восточная ветвь)
R1a1a1b2a1 L342.2 (арийская ветвь)
R1a1a1b2a1a L657 (молодая арийская ветвь)

Естественно, этих сведений не было в обсуждаемой статье (ArunKumar et al, 2012). Не было там ни предковых гаплотипов, ни ожидаемых датировок, ни картины субкладов, вообще ничего, что представляет интерес для ДНК-генеалогии.

По состоянию на начало декабря 2012 в нашей базе данных IRAKAZ (где первые буквы означают Игорь Рожанский, Анатолий Клёсов, Александр Золотарев) числились 34 67-мар-

керных гаплотипа R1a-L657, из которых 24 были арабскими (Саудовская Аравия, ОАЭ, Кувейт, Бахрейн, Катар), пять гаплотипов были из Индии, три из Пакистана и два из Казахстана. Все 34 гаплотипа содержали 613 мутаций от приведенного выше базового гаплотипа, что дало 613/34/0,12=150→176 условных поколений, то есть 4400±470 лет до общего предка субклада L657.

Если рассмотреть десять гаплотипов только Индии, Пакистана и Казахстана, то они дают точно такой же базовый гаплотип, как и все 34 гаплотипа группы L567 (см. выше), и содержат 163 мутации, что дает 163/10/0,12=136→158 поколений, или 3950±500 лет до общего предка. В принципе, это в пределах погрешности расчетов времени жизни общего предка для всех 34 гаплотипов, но в любом случае ясно, что общий предок у них был один или близкородственный.

Итак, мы можем ожидать, что среди индийских гаплотипов мы найдем линии L342.2 и/или L342.2-L657, общие предки которых жили 4900—4400 лет назад, или более недавние, если арии прошли «бутылочное горлышко» популяции в ходе прибытия в Индию или в ее южную часть, а также автохтонные линии с «возрастом» намного больше, с гаплотипами, содержащими необычные (для «индоевропейских», или арийских гаплотипов) мутации, как, например, DYS392=13 или 14, или сочетание DYS389=14-18 (общий предок которых для 46 гаплотипов Южной Индии жил 7200±960 лет назад. Помимо этого, мы ожидаем найти, что линии гаплогрупп G, J2 и других в Индии будут намного старше R1a. Это — не арийские гаплогруппы. Мы не ожидаем найти в Индии гаплогруппу R1b, что, впрочем, уже показано выше. Это тоже не арийская гаплогруппа. Эрбины (носители R1b) перешли на индоевропейские языки уже в Европе, намного позже времен прибытия ариев в Индию.

Так это все и оказалось при анализе данных.

Из всех 71 гаплотипов только две аллели в DYS389-1 были не равны 13. Это говорит о том, насколько четко разделились подветви. Во всех 71 гаплотипах было 248 мутаций от указанного базового гаплотипа. Это дает 248/71/0,030=116→132 поколения, или 3300±380 лет до общего предка ветви. Это в пределах погрешности совпадает с известным временем перехода ариев в Индию.

Обратим внимание на сходство выявленного базового гаплотипа описанной индийской ветви с базовым гаплотипом субклада L657, приведенным здесь для сравнения в 37-маркерном формате (см. выше):

**13 25 16 11** 11 14 **12 12 10 13 11 17– 16** 9 10 11 24 **14 20** 32 12 15 15 16 — 11 **12** 19 23 **15** 16 18 19 35 40 14 **11**.

Совпадение имеет место по всем маркерам (GATAH4=12,6 в индийской серии, что округлено до 13 в показанном выше базовом гаплотипе, и DYS635 отсутствует в 67-маркерной панели FTDNA). Таким образом, эта подветвь с хорошей вероятностью представляет субклад R1a-L657. Надо отметить, что эта подветвь наиболее представительна в отношении браминов, их в составе ветви 22 из 35 браминов в гаплогруппе R1a.

Следующей за ней (в нижней части ветви на рис. 2) идет подветвь с DYS389-1=14, в ней 68 гаплотипов. Базовый гаплотип:

13 25 **15 10** 12 12 10 **14** 11 17 — 16 14 20 **12** 15 11 **24**.

Из всех 68 гаплотипов только одна аллель в DYS389-1 была не равна 14. Это опять говорит о том, насколько четко разделились подветви. Это, конечно, не только из-за одной аллели. Как видно из приведенного базового гаплотипа, различия между базовыми гаплотипами с DYS389-1=13 и DYS389-1=14 составляют пять мутаций (отмечены). На самом деле разница там меньше, суммарно 3,04 мутации, поскольку почти все мутации дробные.

Во всех 68 гаплотипах было 255 мутаций от указанного базового гаплотипа. Это дает 255/68/0,030=125→143 поколения, или 3575±420 лет до общего предка ветви. Это опять совпадает с известным временем перехода ариев в Индию. Таким образом, в Индию вошли как минимум два арийских «племени», различающиеся своими общими предками. Разумеется, это вовсе не подразумевает, что они входили раздельно. Это могли быть, например, представители субкладов L657 и L342.2.

Поскольку их базовые гаплотипы различаются на 3.04 мутации, то есть на 3.04/0,030=101→112 поколений, или 2800 лет, то общий предок этих двух племен жил (2800+3300+3575)/2=4800 лет назад. Это действительно с хорошей вероятностью субклад R1a-L342.2 и/или L342.2-L657, хотя приведенный выше 17-маркерный базовый гаплотип несколько отклоняется от их базовых. Впрочем, всегда есть возможность того, что это новый, пока не описанный субклад юго-восточной ветви.

Следующей идут две подветви (на рис. 3), верхняя с DYS389-1=14, их 15 гаплотипов, нижняя с DYS389-1=13, их 23 гаплотипа. Базовый гаплотип верхней:

13 25 15 **11** 12 12 10 14 11 17 — **17** 14 20 **13** 15 11 **23**.

Во всех 15 гаплотипах все аллели в DYS389-1 равны 14. Это опять говорит о том, насколько четко разделились подветви. Опять, это, конечно, не только из-за одной аллели. Как видно из приведенного базового гаплотипа, различия между двумя базовыми гаплотипами с DYS389-1=14 составляют четыре мутации (отмечены). На самом деле разница там меньше, суммарно 2,89 мутации, поскольку почти все мутации дробные. Во всех 15 гаплотипах было 46 мутаций от указанного базового гаплотипа. Это дает 46/15/0,030=102→114 поколения, или 2850±510 лет до общего предка ветви. Это уже несколько позже известного времени перехода ариев в Индию, и, возможно, эта ветвь уже «индоариев» в буквальном смысле слова (примерно первая половина 1 тыс. до н.э.). То, что она «молодая», говорит и то, что восемь маркеров в ней не мутированы, то есть одни и те же во всех 15 гаплотипах, или имеют всего одну мутацию.

Поскольку базовые гаплотипы обеих подветвей с DYS389-1=14 различаются на 2,89 мутации, то есть на 2,89/0,030=96→107 поколений, или 2675 лет, то общий предок этих двух племен жил примерно (2675+2850+3575)/2=4550 лет назад. Это — типичные времена для субкладов L342.2 и L657, Русская равнина.

Базовый гаплотип подветви из 23 гаплотипов:

13 25 **15 10** 12 12 10 13 11 **18** — **15** 14 20 **12 16** 11 23.

Только три аллели в DYS389-1 здесь не равны 13. Опять, это, конечно, данная подветвь отделилась не только из-за одной аллели. Как видно из приведенного базового гаплотипа, различия между двумя базовыми гаплотипами с DYS389-1=13 составляют шесть мутаций (отмечены). На самом деле разница там меньше, суммарно 2,61 мутации, поскольку почти все мутации дробные. Во всех 23 гаплотипах было 83 мутации от указанного базового гаплотипа. Это дает 83/23/0,030=120→136 поколений, или 3400±505 лет до общего предка ветви, то есть опять известное время перехода ариев в Индию (середина 2 тыс. до н.э.). О том, что базовый гаплотип не очень «молодой», говорит и то, что только четыре самых «медленных» маркеров в ней не мутированы.

Поскольку базовые гаплотипы обеих подветвей с DYS389-1=13 различаются на 2,61 мутации, то есть на 2,61/0,030=87→96 поколений, или 2400 лет, то общий предок этих двух племен жил примерно (2400+3400+3300)/2=4550 лет назад, то есть та же величина, что и для времени жизни общего предка двух DYS389-1=14 ветвей. Это — типичные времена для субкладов L342.2 и L657, Русская равнина.

Подводя итог, заметим, что по полученным данным большинство южноиндийских гаплотипов группы R1a (177 из 196, представленных в списке, то есть 90%), берут свое начало в субкладе R1a-L342.2, образованном примерно 4900 лет назад, видимо, в Европе, и далее в последующем субкладе L657. На Русской равнине и далее по ходу миграции ариев этот субклад разделился на четыре ветви, общий предок которых жил примерно 4550 лет назад, и эти четыре ветви прибыли в Индию примерно 3600 лет назад. Их потомки живут в Индии и сейчас. Эти ветви дают довольно сложную суперпозицию аллелей, разделить которую на ветви было трудно, поскольку протяженных индийских гаплотипов пока мало. Почти 200 17-маркерных гаплотипов сделали такое разделение возможным.

Интересно, что ни башкирских, ни киргизских ветвей субклада L342.2 в Южной Индии не было. Для справки, их 17-маркерные базовые гаплотипы следующие:

13 **24 16 11** 12 12 **12** 13 11 18 — 15 14 20 **11** 16 11 X (башкиры),

13 25 **16 11** 12 12 10 **14** 11 18 — 15 14 **21 11** 16 11 X (киргизы).

Понятно, что речь здесь ни о башкирах или киргизах в Индии как таковых, и не о приходе их как этносов в Индию. Речь о том, что носители субклада L342.2, которые передали свои Y-хромосомы будущим киргизам и башкирам, не появились в Индии. Возможно, эти племена (или популяции, в более общей формулировке) там, с будущими киргизами и башкирами, и остались. Но субклад L342.2 — тот же.

13 25 16 11 12 12 10 13 11 17 — 16 14 20 13 15 11 23
13 25 15 10 12 12 10 14 11 17 — 16 14 20 12 15 11 24
13 25 15 11 12 12 10 14 11 17 — 17 14 20 13 15 11 23
13 25 15 10 12 12 10 13 11 18 — 15 14 20 12 16 11 23

Выше приведены четыре выявленные базовые гаплотипы индийских R1a субкладов. Только последний относительно близок к башкирским и киргизским гаплотипам (времена жизни общего предка 1125±190 и 2100±250 лет, соответственно), и он принадлежит общему предку, который жил 3400±505 лет назад, действительно во времена прихода ариев в Индию. Поскольку его базовый гаплотип расходится с башкирским и киргизским на 5,00 (часть мутаций дробные) и 4,57 мутаций (отмечено), соответственно, то есть на 5/0,03=167→200 поколений, или 5000 лет (башкиры) и 4.57/0,03=152→179 поколений, или 4475 лет (киргизы), соответственно, то общий предок индийского арийского гаплотипа и башкир или киргизов жил, соответственно, (5000+1125+3400)/2=4800 и (4475+2100+3400)/2=5000 лет назад. Это, разумеется, примерные оценки, но они позволяют предположить, что общие предки индийских, башкирских и киргизских гаплотипов восходят к началу субклада L342.2.

Остальные 19 гаплотипов группы R1a имели необычные мутации, и не принадлежали описанным выше ветвям. Они были рассеяны по всему дереву гаплотипов, попадая зачастую не в свои гаплогруппы. Некоторые из них имели явные ошибки в типировании (например, DYS392=7 вместо обычных 11, и тому подобные), или если это не ошибки — то это совершенно архаичные гаплотипы. Они не были включены в расчеты, но были приняты к сведению как возможные указания на наличие архаичных гаплотипов с списке южноиндий-

ских R1a. В итоге 15 этих «рассеянных по дереву» гаплотипов с необычными мутациями были сведены в одну группу, в которой необычные (видимо, архаические) мутации включали серию из DYS390=22, DYS392=13 или 14, DYS439=13, и так далее. Все 15 гаплотипов содержали 182 мутации от условного базового гаплотипа, что дает 182/15/0,030=404→656 условных поколений, или 16400 лет до общего предка. Понятно, что о точности расчетов здесь говорить не приходится, поскольку эти 15 гаплотипов представляют собой разрозненные древние ветви. Тем не менее, полученная условная датировка в целом не противоречит датировке серии северокитайских гаплотипов группы R1a с возрастом общего предка около 20 тысяч лет.

### *Акробатика с геномным «анализом» о якобы кавказском происхождении евреев-ашкенази*

К сожалению, геномный анализ во многом пошел по печальному пути популяционной генетики человека. Схема такая: с помощью самых передовых методов генетического анализа фиксируется картина мутаций в геноме определенной популяции, и затем совершенно безграмотно и бестолково проводятся его интерпретации.

Статья, упомянутая в заголовке (Elhaik, 2012), тому показательный пример. Автор задался целью выявить «хазарский след» и геномную связь его с европейскими евреями, ашкенази. Для этого он исходил из двух совершенно бестолковых положений. Первое — что хазары предположительно жили на Кавказе, и поэтому у них должен быть кавказский геном. Второе — поскольку они были евреями и в итоге передвинулись в Европу, то этот кавказский геном передвинулся с ними в Европу. А поэтому, если геном кавказский выявляется в геноме ашкинази, то это — хазарский след, и это является доказательством исходного положения.

Более бестолкового положения просто нельзя придумать. Дело в том, что половина Восточного и Северо-восточного Кавказа имеют гаплогруппы J1 и J2, которые к евреям не имеют прямого отношения, кроме того, что это одни и те же

древние рода, что и у евреев. Они разошлись от одних общих предков в незапамятные времена, возможно, 10—15 тыс. лет назад. Это — не еврейские ДНК-линии. Но род — один, и, естественно, в геноме он дает те же самые многие мутации, что и у евреев. Хазары здесь совершенно ни при чем. Были они или не были — это не имеет ни малейшего отношения к тому, что геномы многих кавказцев и евреев схожи, и ведут начало своей схожести, как уже сказано, в доеврейские времена.

Эту схожесть автор рассматриваемой статьи, естественно, и нашел, и 90% его статьи длинно и нудно, со многими повторами повествует о геноме якобы хазар, в каком направлении якобы шли их якобы миграции, и что якобы открытия автора (подчеркивается, что впервые найдены доказательство наличия генома хазар) показывают, что евреи-ашкенази имеют не европейское происхождение (**рейнская гипотеза**), а именно хазарское (**хазарская гипотеза**), и что именно это в статье выявлено.

Читать статью досадно и неловко, неспособность автора даже минимально анализировать альтернативные варианты просто угнетает. Неужели так трудно сообразить, что сходство геномов кавказцев и евреев может иметь другие причины, чем через хазар? Неужели так трудно взглянуть на гаплогруппы кавказцев, и сравнить их с гаплогруппами евреев? А ведь там все основные гаплогруппы ашкенази — J1, J2, G2, R1b, только у каждой своя история, отличная от истории евреев.

Вот, например, доля гаплогрупп J1 и J2 у восточных и северо-восточных кавказцев:

| | | |
|---|---|---|
| Авары | J1 58% | |
| Чеченцы (без Ингушетии и Дагестана) | J2 58%, | J123% |
| Чеченцы (Дагестан) | J2 58%, | J115% |
| Чеченцы (Ингушетия) | J2 51% | J121% |
| Даргинцы | J1 69% | |
| Ингуши | J2 82% | J17% |
| Кайтаки | J1 85% | |
| Кубачинцы | J1 98% | |
| Лезгины | J1 44% | |

Сплошные J1 или J2, или и то и другое. А у западных кавказцев — сплошные G2, которых у ашкенази опять много.

Вот это непонимание, что гаплогруппы Y-хромосомы дают важный вклад в геномный анализ, приводит к постоянным недоразумениям у генетиков. Это априори трудно было предсказать, но так получается. Недавно у генетиков опять был конфуз по этой части, когда они объявили, что у европейцев есть заметный процент генома «американских индейцев». Причем и у западноевропейцев, и у восточноевропейцев. У русских, например, в геноме тоже заметный вклад «американских индейцев». И никто не сообразил, что это абсурд. Так и продолжали повторять, как попугаи, продолжают до сих пор. И никто не сообразил, что это — гаплогруппа P, из которой вышли как гаплогруппа Q, основная у американских индейцев, так и гаплогруппы R1a и R1b, основные у восточноевропейцев и западноевропейцев, соответственно. Поэтому картина мутаций в геноме пересекается у всех трех указанных популяций.

Иначе говоря, геномный анализ дает правильные картины, но интерпретация попгенетиков никуда не годится. Типичная ментальность попгенетиков — видят это у современных америндов, видят это у европейцев — значит у европейцев это компонент американских индейцев. То, что это может быть и наоборот (что тоже было бы неверно), и это у америндов «европейская компонента», им в голову не приходит. А уж то, что это от общего предка — это для тех генетиков вообще уму непостижимо. Попгенетики мыслят только категориями современности, типа «что вижу, о том и пою».

Вот так же и с кавказским и еврейским геномом. Подумать о том, что это от древнего общего предка, для попгенетиков слишком сложно.

Эту цитируемую статью стоит переписать заново, и о хазарах ни слова не упоминать. Была бы хорошая статья. О том, как одинаковая гаплогруппа в значительной степени определяет картину генома; о том, что порой и геном не обязательно определять, гаплогруппа во многом рулит картиной генома. О том, что евреи и кавказцы — древние родственники, хотя это ясно и из ДНК-генеалогии. Хазары там просто под раздачу попали. Короче, статья в отношении хазар неверная, и о хазарах вопрос совершенно не решает. Но материал по-

учительный, как НЕ НАДО ставить эксперименты, если вопрос с самого начала неправильный.

Вот давайте под этим углом на материал и посмотрим.

В статье были рассмотрены данные для 1287 человек из 8 еврейских и 74 нееврейских популяций, которые сравнивались по 531315 аутосомным снипам. После ряда манипуляций были оставлены 221558 снипов. Были также рассмотрены мтДНК и Y-хромосомные данные из ранее публиковавшихся статей. При анализе центрально-европейские евреи, восточно-европейские евреи и ашкенази принимались эквивалентными. Но поскольку «ашкенази» обычно в литературе принимаются за выходцев из Германии, то авторы, демонстрируя объективность, от термина «ашкенази» отказались. И в самом деле — они настроились на хазарское происхождение европейских евреев, и поэтому термин «ашкенази» им не подходил в принципе. Соответственно, они отказались при рассмотрении и от термина «сефарды».

Поскольку хазарских останков или выявленных потомков у авторов статьи не было, то вместо них использовались биологические материалы европейских и кавказских популяций. **Кавказские грузины и армяне были постулированы при исследовании как прото-хазары.**

Естественно, как принято в популяционной генетике, измерялись «генетические расстояния между популяциями». В статье, как принято у попгенетиков, вообще не указывалось, у кого брались тесты — у мужчин, у женщин, или у тех и других. Видимо, считается, что это не важно. Но можно полагать, что анализировались геномы тех и других. Правда, мои (*А.К.*) наблюдения показывают, что в этом случае картину определяют именно мужские снипы, поскольку женские настолько хаотичны и многоплановы (то есть представляют самые широкие вариации), что на суммарную картину влияют совершенно диффузно, то есть не влияют вообще.

Как заглавные в статье рассматривались две гипотезы происхождения европейских евреев — рейнская гипотеза, и хазарская гипотеза. Согласно первой, европейские евреи вышли из малой популяции евреев в Германии, продвинулись на восток и размножились. В этом случае автор ожидает «высокое генетическое сходство между европейскими евреями». Согласно второй, европейские евреи вышли из хазарского ка-

ганата (конфедерации славян, скифов, хуннов, булгар, иранцев, аланов и тюрков, обращенных в иудаизм в VIII в.), прошли в Европу и размножились. Из этой хазарской смеси, по мнению автора, вышли хазары, грузины и армяне. Согласно автору, хазарская империя распалась, и после черной чумы в Европе хазары бежали на восток, осели в Польше, Венгрии, и постепенно разошлись по Центральной и Восточной Европе. Поэтому автор ожидает, что в отличие от первой, рейнской гипотезы, хазарская гипотеза должны привести к бóльшему генетическому разнообразию евреев, поскольку они будут происходить от кавказских, европейских, и ближневосточных предков, и разные группы европейских евреев будут отличаться друг от друга по своему происхождению и генетическому разнообразию. То, что разные гаплогруппы евреи могли получить и не от хазар, автору в голову не пришло. Например, гаплогруппа R1a у евреев явно не от хазар, ей примерно 4 тыс. лет, и она, скорее всего, с Ближнего Востока, арийский след.

Правда, для меня как читателя осталось непонятным, почему это немецкие евреи (рейнская гипотеза) оказываются генетически гомогенными (или близкими), если они исходно пришли с Ближнего Востока, будучи рассеянными по Персии, Византии, Ассирии, Средиземноморью, а также пройдя через Европу, чтобы попасть в Германию. Ну да ладно, у автора масса таких условностей, приближений, допущений. Как мы дальше увидим, снявши голову, по волосам не плачут. Иначе говоря, нет смысла к автору придираться по этим мелочам, когда он задачу все равно решил принципиально неправильно. То есть не решил.

Первой задачей исследования автор назначил показать, что рейнская и хазарская гипотезы в самом деле дадут различные предковые картины. И вот здесь начинается акробатика автора. Для начала и для примера он решил выявить генетическую примесь (admixture) между палестинцами и шестью кавказскими и евразийскими популяциями (русские, турки, армяне, грузины, лезгины и адыги), беря как негативный контроль африканцев племени Сан. В общем, начинается уже смешно, поскольку все эти шесть популяций имеют в значительной степени пересекающиеся мужские гаплогруппы. Женщины, как я пояснял выше, здесь не при чем, они

дают просто «генетический фон». У всех этих шести популяций есть гаплогруппы R1a, R1b, G2a, J1, J2 и так далее, в разной, естественно, степени. Но это не важно, в какой степени, все равно все суммируется и усредняется. Популяционная генетика ведь. Так и получилось — то, что назвали f3 статистикой, показало степень «примесности» (admixture) между палестинцами и русскими 0,0011, палестинцами и турками 0,0013, с армянами 0,0019, с грузинами 0,0019, с лезгинами 0,0015, с адыгами 0,0015. Это по автору означает «малую, но значительную примесность». Популяционная генетика. Да непримесности там просто быть не могло, гаплогруппы-то одни. То есть снипы тоже одни, и эти снипы тянут за собой другие, родственные снипы данных популяций.

Но акробатика автора продолжалась. Он показал на армян и грузин, с их примесью с палестинцами 0,0019, и пояснил, что поскольку как армяне, так и грузины разошлись с турками 600 поколений назад (дана ссылка, без какого-либо пояснения), то есть примерно 15—18 тысяч лет назад (???), то в этой примеси доли евреев быть не может, поскольку она была бы недавней. То есть эта примесность «территориальная», а не «семитская». Как написал автор, «сходство между европейскими евреями и кавказцами не вызывается общими семитскими предками».

Кто проникся этими «доводами»? Я — нет. На самом деле доля «примесности» определяется игрой гаплогрупп, среди которых J1 и J2 есть и у евреев, равно как и G2a, и R1a, и R1b, и так далее. У русских J1 и J2 мало, у кавказцев и палестинцев много, вот и выше «примесность». Разделять здесь «территорию» и «семитскость» не имеет большого смысла. Все эти пируэты автора совершенно ничего не дают. Но самое главное, что автор прав — сходство между европейскими евреями и кавказцами не вызывается общими семитскими предками. Но по совершенно другой причине — потому, что их у кавказцев нет (кроме горских евреев), а вот гаплогруппы J1 и J2 есть. И хазары там совершенно ни при чем.

Далее автор перешел к графику «мультикомпонентного анализа», любимому инструменту популяционных генетиков. В нем все популяции перемешиваются, и график показывает, кто к кому льнет. Вот упрощенный (но не очень) характерный пример. Берутся четыре мужских популяции — по-

ляки, русские, казахи и монголы, и строится график — кто к кому ближе. Для этого примера не так важно, что от чего откладывается, но если картина снипов представлена в том или другом виде, то нетрудно догадаться, что поляки и русские, имеющие в основном R1a, окажутся на графике по соседству, а на другом конце графика окажутся казахи и монголы. И попгенетик торжествующе скажет — вот, смотрите, настоящая наука. Кто бы мог подумать, что такой график будет?

Так вот, подобный график построил и автор. На него были положены популяции Ближнего Востока, Кавказа, и европейские евреи.

Теперь мои (*А.К.*) рассуждения, прежде чем покажем, что получилось у автора. Поскольку гаплогруппы J1 и J2 есть во всех трех популяциях, и много, то окончательный расклад должен определиться балансом гаплогрупп, которых нет или мало в какой-то из трех популяций. Например, у европейских евреев есть много гаплогрупп G2a и R1b, их же много на Кавказе (и к хазарам они никакого отношения не имеют, это древние гаплогруппы), а на Ближнем Востоке их мало. Значит, можно ожидать, что европейские евреи лягут ближе к кавказцам, а не к Ближнему Востоку, хотя финальный ответ даст сложная игра снипов.

Теперь как рассуждал автор: если правильна рейнская гипотеза, то европейские евреи лягут ближе к Ближнему Востоку, а если правильна хазарская — то ближе к Кавказу.

Мы уже, впрочем, видим, что хазары здесь опять ни при чем. Потому что на Кавказе есть много J1, J2, G2a, R1b. И R1a тоже может какую-то роль сыграть, этой гаплогруппы на Кавказе немного, но она есть и у европейских евреев.

Так и получилось. Более 70% европейских евреев и почти все восточно-европейские евреи легли на графике ближе к кавказцам, и именно к грузинам, армянам, и азербайджанским евреям. Вот, восклицает автор, это — сильное доказательство хазарской гипотезы. Более того, восклицает автор, миграции кавказцев в Европу до времен хазарской империи неизвестны, значит, это хазары мигрировали, и принесли кавказские снипы вместе с евреями в Европу.

Это, конечно, смеху подобно. Евреи сами по себе принесли свои гаплогруппы J1, J2, R1a, G2a, R1b в Европу (и получили от других европейцев, как R1a они получили от древ-

них ариев на Ближнем Востоке примерно 4000 лет назад), и эти же гаплогруппы испокон веков, а именно не менее 6 тыс. лет назад, были на Кавказе. Поэтому кавказцам никуда и ходить не надо, у них все это было с древнейших времен. И без хазар. Параллельно с евреями.

Технически это не исключает наличия евреев на Кавказе, в том числе и как хазар. Но это ничего не доказывает, как наивно считает автор. Методология его в принципе неверна.

Опять и опять автор повторяет, что рейнская гипотеза не может объяснить геномное сходство евреев с кавказцами, а хазарская — может. Опять нам здесь приходится говорить, что к хазарам это не имеет никакого отношения. Эти гаплогруппы попали на Кавказ с Ближнего Востока задолго до евреев, как попали они к евреям тоже оттуда, потому и глубинное сходство. Но популяционные генетики в исторических терминах не мыслят. Они смотрят на то, что ЕСТЬ СЕЙЧАС. И отсюда уже фантазируют на предмет истории.

Впрочем — цитирую автора: «Хотя европейские евреи образуют кластер с кавказскими популяциями, восточно- и центрально-европейские евреи делят большой кластер с западноевропейскими и ближневосточными популяциями». Ну естественно, они и должны делить «большой кластер», гаплогруппы опять те же самые. Нет там «или — или», все определяется, повторяю, игрой долей гаплотипов и снипов в популяциях, и мозаика этого может быть самой разной. Но поскольку автор вводит много степеней свободы в интерпретации, ими можно объяснить что угодно. Сходство снипов евреев с Западной Европой объясняется уже вводом в игру «греко-романских евреев», там же «израильские прото-иудеи», и «месопотамские евреи».

Все остальные акробатические этюды в статьи того же свойства — в основе их сходство гаплогрупп кавказцев и европейских евреев, называть их ашкенази или не называть. Автор применяет как меру сходства так называемый IBD (identity by descent), при котором сопоставляют сходство средних геномных участков по их «длине». Оказалось, что и в этом случае длина этого усредненного сходного участка между европейскими евреями и кавказцами 9,5 cM, а между теми же евреями и палестинцами только 5,5 cM. Опять, автор считает, что тому причиной хазары, в то время как это —

сходство гаплогрупп между ашкенази и кавказцами. Опять хазары здесь ни при чем.

И после этого — длинное обсуждение «результатов» с предполагаемыми маршрутами и направлениями передвижения хазар, что якобы вытекает из исследования.

В заключение я хотел бы подчеркнуть два «момента». Во-первых, этот разбор статьи вовсе не означает, что хазар как таковых не было. Но так, как искал автор статьи, их искать нельзя. Во-вторых, я вовсе не утверждаю, что игрой гаплогрупп можно полностью заменить игру геномов. Но это то, что надо специально проверять и изучать, в какой степени заменить можно, и в каких случаях. Дело в том, что я уже не раз сталкиваюсь с тем, что гаплогруппы Y-хромосомы играют определенную и значительную роль в геномном анализе. Там есть какая-то тайна, почему столь маленькая хромосома со своей системой снипов как паровозик тащит за собой сотни тысяч снипов со всего генома. Ясно, что эта корреляция не случайна, за ней что-то кроется. Я опять напомню, как снипы гаплогруппы P и ее потомков, гаплогруппы Q, R1a, R1b, потащили за собой несколько процентов якобы «америиндского компонента» (гаплогруппа P→Q), обнаруживаемого в Западной (гаплогруппа P→R→R1→R1b) и в Восточной Европе (P→R→R1→R1a). И это те же генетики в своей бесконечной мудрости назвали «долей генома американских индейцев в ирландцах и русских». А это, напротив, европеоидные снипы в американских индейцах.

Вот такая популяционная генетика.

### *Что такое «ADMIXTURE» и очередной накат жонглирования понятиями и «выводами» в стиле «популяционной генетики» в геномных исследованиях*

Для начала — несколько вводных положений.

Первое — изучение генома человека чрезвычайно важно как для развития биомедицины, в первую очередь — «персонализованной медицины», так и для изучения происхождения человека, его эволюции, для ДНК-генеалогических исследований как популяций, так и конкретных семей, их генеалогических линий.

Второе — изучение генома в значительной степени базируется на мутациях в хромосомах ДНК (а также в митохондриальных ДНК, которые тоже часть общего генома).

Третье — изучение генома по мутациям в ДНК может проводиться на разных уровнях приближений, а именно на разных фрагментов ДНК — от малых (например, фрагментах Y-хромосомы или любых других хромосом), так и по всему полному геному человека как индивидуально, так и популяций человека, вплоть до всего (в далекой перспективе) населения Земли.

Это все важные положения, и не о них мое ироническое, если не сказать саркастическое название этого постановочного полемического рассказа. Любое грандиозное по важности исследование, любой передовой подход можно свести на уровень профанации, если не следовать вполне общепринятым научным принципам. К сожалению, эта профанация наблюдается, причем широко, в «популяционной генетике» человека. Почему именно в этом направлении, вполне, казалось бы, безобидном и ориентированном на конкретные исследования современных популяций? Что плохого в том, что популяционные генетики изучают определенные популяции, этносы, наследственные линии, и выявляют в них генетические аберрации, свойственные одним популяциям и совсем несвойственные другим?

Ничего плохого в этом нет, это, напротив, замечательно. Правда, плохое там может быть, когда имеет место утечка информации персонального характера, и страховые компании отказывают в страховке, или поднимают цену для конкретных людей, потому что они находятся в группе «повышенного риска». Хотя и в этом некоторые находят правильную позицию страховых компаний, что повышенный риск должен повышенно оплачиваться, тем более, когда рискующие знали, на что идут, выходя замуж или женясь на человеке из той же группы повышенного риска, возводя риск в квадрат, а оплачивать это в случае патологии должны другие люди. Ведь страховка профессиональных спортсменов намного выше, чем «обычных» людей, и страховка гоночных автомобилей намного выше, чем обычных. Как бы там ни было, а популяционные генетики делают хорошее и важное дело, выявляя

связь генотипа и фенотипа, в общей формулировке. Собственно, это и есть главная задача популяционной генетики.

Проблема начинается тогда, когда популяционные генетики берутся не за свое дело, и выходят за пределы своей профессиональной компетентности. Например, когда берутся за ДНК-генеалогию с ее количественным математическим аппаратом, по сложности превышающем обычный уровень популяционных генетиков. Они, конечно, могут попытаться научиться, но они не хотят. Не хотят принципиально. В итоге получаются не только сплошные конфузы, но и полная дискредитация своей науки. Критический уровень этой дискредитации уже давно зашкаливает.

Сначала, в конце 1990-х — начале 2000-х, это были «датировки», которые брались «по понятиям», а на самом деле совершенно «с потолка», без всяких обоснований. Соответствующие цитаты я уже давал предостаточно в статьях, где это обсуждал. Могу только напомнить про «R1b в Европе 30 тыс. лет назад», про «украинскую гаплогруппу R1a, которая спасалась в украинском же убежище в ходе ледникового периода», про «выход современного человека из Африки 70 тыс. лет назад», и так далее. Никаких расчетов на самом деле не проводилось, да их и быть не могло. Это — стиль популяционной генетики. Потом, в середине 2000-х, взял свое начало «метод Животовского» с его «популяционными скоростями», которые совершенно некритично принимались в любом случае, для любых гаплотипов, для любых маркеров, в любом временном интервале. Самое прискорбное — что никто из «популяционных генетиков» и вопросы не задавал, применяли совершенно не думая и не осознавая. В итоге — обычное завышение результатов расчетов на 200—300% (!). Откуда это, в чем причины? Причины — в полном отсутствии нормальной научной школы, в которой эти несуразицы вскрываются на первом же научном семинаре. Причины — в полном контроле «популяционными генетиками» профильных научных журналов. В подборе рецензентов, которые тоже полностью контролируются, а потом привыкают. Или привыкли с самого начала.

Шокирующих примеров слишком много, чтобы все публиковать. Один из краеугольных камней «попгенетиков», которые устремляются в «исторические науки» — это исходить

из статической картины гаплогрупп: то, что наблюдается в настоящее время, то же якобы было всегда. Оттуда и возникли те самые R1b давностью в Европе 30 тыс. лет — они же есть в Европе сейчас, значит, были всегда. Ну а 30 тыс. лет — из вежливости, сверху уже неандертальцы подпирают. Так и сейчас, уже в 2013 году, нашли R1b-L51 в центре Европы — значит, там и образовались. Нашли R1b в Анатолии — значит, там и образовались, оттуда и пришли. О том, что они и в Сибири есть — авторы и не знают, их карта в статье на Турции заканчивается, восточнее и не смотрели. Популяционная генетика. Нашли стоянки в Турции давностью 10 тыс. лет назад — значит R1b, как будто других гаплогрупп нет, например, G, E, J, R1a, F, K и так далее.

Вот такая популяционная генетика.

Еще один показательный пример — некто Диенекес Понтикос, ведущий свой собственный блог «по антропологии», решил, что констант скоростей мутаций ДНК нет, точнее, что они невоспроизводимы и меняются от системы к системе. Почем он так решил? Да потому что в них не разбирается. И объявил о запрете рассмотрения их на своем блоге. Так и объявил — ввожу «бан» на скорости мутаций. История забавная.

И вот тот же Д. Понтикос сейчас занялся геномом, точнее, сериями мутаций в нем. И в соответствии с ментальностью многих попгенетиков, стал применять принцип — «что вижу, о том пою». То есть беру картину мутаций в Польше — называю ее «польской картиной». Неважно, что она такая же, как в Беларуси или в Литве — пусть будет «польской». Вижу картину у американских индейцев, неважно, что они пришли из Сибири со своей сибирской гаплогруппой Q, пусть будет каноническая картина «американских индейцев». Причем американских индейцев в Сибири. Или американских индейцев во Франции. Или в Ирландии. Или в России. Отныне они все будут в своей части «американские индейцы». Узнаете «популяционную генетику»?

И вот такие люди закладывают основы новой дисциплины, при полном попустительстве остальных. И эти остальные чешут голову и гадают — откуда в Ирландии американские индейцы? Но раз Понтикос сказал, значит, так оно и есть. «Доктор сказал в морг, значит в морг».

Возвращаемся к началу нашего повествования.

Уже довольно давно я с определенным подозрением слежу за упражнениями Д. Понтикоса со снипами по всему геному. Понтикос, по своему незнанию и непониманию, сначала объявлял, что огромные погрешности в расчетах времен до общих предков делают эти расчеты бессмысленными. Но оказалось, что он в этих расчетах ничего не понимает. Мне препираться с ним надоело, и я задал ему конкретный вопрос — есть сто 67-маркерных гаплотипов, в которых суммарно 2000 мутаций. Когда жил общий предок этих ста гаплотипов, и с какой погрешностью определяется эта величина? Понтикос не ответил и предпочел ретироваться. Больше со мной он этот вопрос не поднимал.

Ответ на самом деле очень прост — 5000 лет назад с погрешностью плюс-минус 510 лет. При этом нужно оговорить два условия — что все эти гаплотипы происходят от одного общего предка, и константа скорости мутации определена с точностью плюс-минус 10%. Если первое условие не выполняется, гаплотипы делятся на ветви, нет проблем. Второе условие обычно завышено, и погрешность на самом деле часто оказывается меньшей, ну да ладно, пусть будет для страховки. Лучше погрешность завышать, чем уменьшать.

Но Понтикос не успокоился, и вскоре объявил о том, что расчеты времен до общего предка не имеют смысла, потому что зависят от того, какие маркеры используют для расчетов. Его в этом отношении окрылила статья Busby et al (2011), которая оказалась предельно безграмотной (или запредельно безграмотной), хотя и опубликована в журнале Английского Королевского общества. Busby и соавторы взяли несколько «скоростей мутации» для отдельных маркеров, и нашли, что для разных маркеров получаются разные времена для общих предков. Эти «скорости мутаций» они взяли из сопоставления величин аллелей в примерно 1750 парах отец-сын. При этом английские авторы оказались настолько далекими от понимания простых вещей, что не поняли, что эти «скорости мутации» просто нельзя рассматривать для подобных расчетов. Например, в 1750 парах DYS393 мутировал три раза, а DYS390 — два раза. То есть DYS393 оказался более «быстрым», чем DYS390 (!). И авторы английской статьи, а вслед за ними и Понтикос, так и посчитали, что скорость 393-го

более высокая, чем 390-го. И это и использовали в расчетах! Между тем, любой, кто хоть однажды видел серии гаплотипов, видел, что 393-й мутирует крайне редко, а 390-й строчит как из пулемета. То есть и английские авторы, и Понтикос не имеют о таких вещах ни малейшего понятия. Они не имеют понятия и о том, что 2 и 3 мутации в 1750 парах отец-сын — это никакая не статистика, там могла легко быть и 1 мутация, и 4—5 мутаций. Нельзя на таком уровне частоты событий вообще что-то рассчитывать. Это все равно, что бросить монету три раза, и на этом основании рассчитывать вероятность выпадения орла или решки. И на этом основании и английские авторы, и Понтикос делают выводы, что по мутациям ничего считать нельзя! Более того, Понтикос объявил на своем сайте, что я уже упомянул выше, что отныне он делает «бан» на расчеты ДНК-генеалогии и больше ничего на эту тему не помещает.

Следующим действием было его увлечение расчетами возраста гаплогрупп на основании числа SNP в гаплогруппах и субкладах по данным проекта «1000 геномов». Как он считал — он поначалу не показал, и просто опубликовал список «возрастов» по гаплогруппам. Три четверти из них совпадали с нашими датировками, опубликованными совместно с И.Л. Рожанским в нашей статье про Африку в Advances in Anthropology за полгода до того. Ссылки на нас он, понятное дело, не дал, но отметил, что считать по гаплотипам — это неправильно, надо считать по снипам. Я выступил на форуме RootsWeb, и задал ему вопрос — если он получает такие же цифры, как у нас, более того, подозрительно такие же, как он может говорить, что по снипам считать — правильно, а по гаплотипам — неправильно? Он стал скандалить, что это у нас неправильно, и стал приводить цифры по той четверти случаев, в чем у нас разница. Там, где совпадало, он умолчал. Но это было неудивительно, его натуру я уже знал.

Но произошла неожиданность — выступил другой человек, и сказал, что он использовал те же снипы из проекта «1000 геномов», и тот же в принципе метод расчета, и получил совершенно другие данные, чем у Понтикоса. В частности, как видно, Понтикос не делил полученные датировки на 2, хотя он получал не возрасты гаплогрупп, а РАССТОЯНИЯ между ними. Понтикос опять ретировался и замолчал. Тут уже вы-

шел я и потребовал объяснений. Он же до того объявил, что мы считаем неправильно, а он — правильно. Мое требование пришлось повторять трижды, Понтикос молчал. Потом он вышел и повинился, что на 2 он действительно не делил, но во всем виноват проект «1000 геномов», потому что они выдают неправильные данные, и вообще данных недостаточно для подобных замечательных расчетов, какие делает Понтикос. Короче, он дезавуирует, то есть снимает свои данные как действительно неправильные, потому что по снипам получается что угодно. Извинения мне он, конечно, не принес.

К чему я это все описываю? А для того, чтобы показать, что объявления и расчеты Понтикоса гроша ломаного не стоят. И это уже переходит в новое увлечение Понтикоса, под названием ADMIXTURE.

И вот началась эта следующая эпопея — популяционные генетики добрались до данных генома, и стали сравнивать сотни тысяч снипов по популяциям. И Понтикос там занял одну из ведущих ролей. Но как истый популяционный генетик по духу, он не понял всей сложности картины. Дело в том, что считают по геномам как мужчин, так и женщин, совместно, не разделяя. Все это образует, естественно, облака снипов, которые только условно могут быть приписаны конкретным регионам, и там они пересекаются, накладываются поперек регионов. Но Понтикос сразу же стал приписывать этим облакам этнические названия, чисто в попгенетическом духе. Более того, даже там, где он приписывал этим облакам (которые он усредняет до якобы точек) названия континентов, или популяциям континентов, эти названия настолько упрощены, что стали ошибочными. На форуме «Родство» польский визитер уже сообщал, что у него 95,6% «польских снипов». То, что польские, литовские, белорусские, да и русские дают примерно такую же картину, он не знал. Иначе говоря, это почти все равно, что назвать «польской» гаплогруппу R1a, и продолжать писать, что у уйгуров, например, 30% польского генома. Что из этого получается — можно сказать коротко. Профанация.

Вот — конкретный пример, который имел место совсем недавно. Мой знакомый ирландец, с которым у меня в печати находится статья про историю субклада R1b-M222 в Ев-

ропе, выставил сообщение на RootsWeb с недоуменным вопросом. Он скачал программу, которую составил Понтикос на своем сайте, вставил свои (и родителей) данные по геному, и с удивлением обнаружил, что он и его родители почти на 10% — американские индейцы. Он выставил свои данные и с удивлением заметил, что его родители и он сам — «коренные ирландцы» из Ирландии, и никаких индейцев у них в роду отродясь не было. Вот что он выставил:

«Здесь мои родители и я — все ирландцы, никаких предков среди американских индейцев.

Я:
92.02% Европейцы
0,00% Азиаты
0,11% Африканцы
7,87% Американские индейцы

Отец:
91,95% Европейцы
0,00% Азиаты
0,07% Африканцы
7,98% Американские индейцы

Мать:
92,13% Европейцы
0,00% Азиаты
0,00% Африканцы
7,87% Американские индейцы

Есть здесь еще с предками от американских индейцев?

Paul».

Поднялась дискуссия, в которой обнаружилось, что у всех заметное присутствие доли американских индейцев.

Кстати, никто не обратил внимания, что в геноме матери африканцев вообще нет, а у самого Поля почему-то их больше, чем у отца. На самом деле это все на уровне «шума». Нет в нас мутаций африканцев, не выходили наши предки из Африки. Из общего предка с шимпанзе — масса мутаций, а от африканцев — нет.

Некоторые подняли вопрос, что в программе с американскими индейцами что-то не так. Другие защищали, что раз Понтикос сказал, то так тому и быть (напоминаю: «доктор сказал в морг, значит в морг»), и стали придумывать гипотезы одни фантастичнее других, и абсурднее третьих.

А ларчик на самом деле просто открывался. Понтикос в своем попгенетическом рвении, вместо того, чтобы обозначить определенные закономерности цифрами или индексами, назвал их просто с потолка. Перевод: *четыре предковых популяции появились на этом уровне разрешения, которые я назвал: европейская, азиатская, африканская, америндская. Имена не важны, и вы можете заменить их какими хотите.*

Мой комментарий: если имена не важны, то какого дьявола их вообще называть так? Три дня эти чудаки на RootsWeb спорили о том, откуда у них в предках американские индейцы, а это вообще, судя по всему, сводная гаплогруппа P. Она дала гаплогруппы Q, R—>R1—>R1a+R1b, а ирландцы — это и есть гаплогруппа R1b на 90+%, и наш Paul — R1b-M222. Q ушла в Америку, и ее имеют многие американские индейцы. Вот и вся разгадка. Если геном имеет массу снипов от общего предка с шимпанзе 6 миллионов лет назад, то как же ему не иметь снипов от гаплогруппы P, всего 40 тыс. лет назад? Они, эти снипы, и ушли как в Америку, к индейцам, так и в Ирландию, так и ко всем R1b, так и в Восточную Европу (и не только), ко всем R1a.

И действительно, у русских примерно столько же вклада «американских индейцев», о чем Понтикос старательно (и тупо) доложил:

Украинцы — 8,5% америндов.

Поляки — 8,2% америндов.

Литовцы — 9,1% америндов.

Русские — 11,7% америндов.

Славяне в целом — 9,1% америндов.

Понтикос так и пишет: «For example, HGDP Russians have 11.7% of Amerindian component». То есть то, что это понятие «америнды» — он ввел чисто условно, он уже не вспоминает. Раз подхватили, зачем менять, не так ли?

Надеюсь, понятнее теперь, что эти цифры и этносы у Понтикоса на самом деле никакой смысловой нагрузки не несут?

Ущербность этого подхода, повторяю, и в том, что все эти облака усредняются до точки в каждом случае, и эти точки и приводятся с точностью до долей процента.

На самом деле эти данные, если их обрабатывать правильно, несут вполне ценную информацию. Обычно рассматривают сотни тысяч снипов у каждого человека, и они, ясное дело, есть объективная реальность. В эти снипы входят снипы и шимпанзе, точнее, общего предка шимпанзе и человека (но их осталось и в шимпанзе и в нас более 90%), и все снипы наших гаплогрупп и субкладов Y-хромосомы (которых у женщин нет, но все равно усредняется между полами), и снипы наших отцов и матерей, что отражает причудливую картину их взаимного выбора, а поскольку часто мужчины в этносах выбирают женщин из того же этноса, и наоборот, то картины в целом по этносам расходятся. Примерно так: если взять группу русских (мужчин и женщин) и группу монголов-монголок, то у них будут — у тех и у других — масса снипов шимпанзе, снипы альфа-гаплогруппы, снипы бета-гаплогруппы (пока все примерно одно и то же), но потом пошла разница — у монголов в немалой степени гаплогруппы C, Q, R1a у мужчин (R1a как древние, так и недавние вливания от России и СССР), и соответствующие мтДНК от женщин, которых у монголок весь иконостас, и у русских R1a, I1, I2, N1c1, и еще куча более минорных снипов, плюс гаплогруппа H (преимущественно) от женщин, плюс вся палитра других женских гаплогрупп, причем у русских это варьируется по всему горизонту. И вот эта чудовищная каша усредняется «попгенетиками» и «геногеографами» в одну точку! И это называется «русский геном» и «монгольский геном», и вот они-то сравниваются с точностью до долей процента.

Все это, конечно, полная чушь. Это я — о точке и о долях процента. На самом деле этот «русский геном» пересекается со всей Восточной Европой, и его не в точку нужно стягивать, а найти другой характер представления. А именно, в виде соответствующих облаков, растянутых неравномерно в разные стороны.

Но и в этом случае различия все равно будут между русскими и монголами. Качественно и как-то полуколичественно его можно рассматривать, но не в виде профанации, как это делает Понтикос. Более того, это рассмотрение — если

правильно — надо проводить не на выбранных маленьких фрагментах, а действительно по всему геному. На маленьких фрагментах будут вылезать отдельные особенности — то присущие в основном, например, гаплогруппам Y-I2 и мтДНК-H, то кому-то еще. И это еще будет зависеть от разрешения, которые и обозначают индексами K=4, K=8 и другими. То есть берут маленький фрагмент генома, да еще с малым (или бóльшим) разрешением, стягивают в точку, и все равно получают в целом ерунду. Но для коммерции годится. Годятся для коммерции и вот такие, в частности, «открытия» того же Понтикоса.

Перевод: *«Интересно то, что европейская популяция показывает присутствие американских индейцев, что показывает и f-статистика, и она же показывает присутствие компонента с Сардинии».*

Как видим, Понтикос уже забыл, что названия им придуманы как попало, и уже придает им абсолютные значения.

Про Сардинию Понтикос уже вошел в состояние экзальтации. Он придает Сардинии некую пра-европейскую значимость, на основании, конечно, этой ерунды с «геномом», который анализирует как хочет. Пример — он трубил по всему свету, что Отци, «ледовый человек», имел геном «Сардинии». Однако, только что опубликована статья, что Отци — никакая не Сардиния, а типичная Центральная Европа. Ну, и что с «трубил по всему свету» делать будем?

Понтикос, с его страстным желанием сенсаций, каждый раз наступает на одни и те же грабли. Впрочем, фарс продолжается. Теперь тем же занялся некий российский Веренич, а именно — тоже насчитывает «польскую компоненту», пользуясь подходом своего гуру Понтикоса.

Я не проводил детальный разбор все этих admixture подходов, но беглое их рассмотрение показывает, что — как ни странно — картина в первую очередь диктуется мужскими гаплогруппами (Y-хромосомы), а женские гаплогруппы (мтДНК) практически не имеют значения. На первый взгляд это абсурд, так как примерно половина участников в расчете admixtures — это женщины. У них мужской хромосомы нет. Но если подумать, то описанный феномен не исключен. Я уже об этом писал в свое время. Женские гаплогруппы хаотичны, они не об-

разуют четкой картины, и они накладываются на значительно более упорядоченные мужские гаплогруппы. Более того, они часто образуют пары с мужскими гаплогруппами. В итоге имеем корреляции между частью мужских и женских гаплогрупп, и хаотичность женских у остальных. Женских гаплогрупп зачастую не видно, они прозрачны в своей размазанности, как прозрачен винт самолета при его вращении.

На эту мысль меня навело беглое рассмотрение картин мутаций в геноме при 50:50 наличии мужчин и женщин. Оказалось, что на вид эти раскрашенные картинки геномов практически совпадают с картиной мужских гаплогрупп. У русских — половина одного цвета (это R), который одинаков с поляками, как и должно быть, и он совпадает с тремя четвертями у французов и 90% англичан и ирландцев, у которых столько и есть R. При том разрешении R1a и R1b не разделяются. Далее, у русских примерно $^1/_6$ другого цвета, которого три четверти у финнов. Это, ясно, гаплогруппа N. Очень мало желтого цвета, который захлестывает монголов. Это — C или Q, надо разбираться. Совсем нет черного цвета, которого полно в Африке. Сейчас мы увидели (см. выше), что у ирландцев, русских и прочих европейцев около 10% чего-то, что доминирует у америндов. Это явно связано с гаплогруппой P или Q.

В общем, в этом нужно разбираться, и странно, что никто из тех, кто упражняется в admixture, это не заметил. Я призываю тех, кому интересно, заняться и посмотреть, насколько это действительно контролируется мужскими гаплогруппами. В принципе, данные по геному — объективные данные, дело в интерпретации.

Ниже — мои слова и призывы к молодым специалистам и любителям на сайте «Родство» при обсуждение данных по геному:

— Там много в чем надо разбираться, но от этого никуда не деться. Формируется новый и мощный подход в генетике, основанный на объективных данных по набору мутаций в хромосомах и во всем геноме. Вопрос — как эти данные трансформировать в хронологические показатели, причем выявить их отношение к регионам, древним миграциям, и провести параллели-корреляции с гаплогруппами-гаплотипами и их хронологией.

При этом либо наши данные нужно будет подправлять на основании полного (или частичного) генома, но в этом надо будет надежно убедиться (наука есть наука, и такая вероятность всегда есть), либо, напротив, геном полностью подтвердит наши подходы и данные. Тогда это будет сильным козырем, против которого не возразить. Если мы этого не сделаем, мы отстанем, чего допустить никак нельзя.

Проблема в том, что в это уже полезли попгенетики, и как им генетически присуще, начинают это дело портить, превращать в обычную для них свалку и помойку. Так что опять, к сожалению, прогрессивно формируется новое поле для схватки, для битвы, для борьбы науки с нахрапистым гаданием и жонглированием. Это у попгенетиков системное.

Поэтому принцип все тот же — если не мы, то кто же? Мы это видим в ДНК-генеалогии гаплотипов, придется увидеть и в ДНК-генеалогии генома. Это же та же ДНК-генеалогия.

Так что у меня призыв к коллегам, особенно к коллегам молодым (но не только) — засучить рукава и разобраться в новом направлении. Базы данных по геному прогрессивно растут, они доступны, программы по анализу этих данных уже есть и тоже их число нарастает. Надо понять суть всех этих K=4 и прочих, убрать эту этничность, с которой носятся попгенетики, забыть про все эти «польские компоненты», которые здесь ни к селу, ни к городу и имеют плохой коммерческий привкус (или откровенное шарлатанство, чем сейчас и занимается Веренич, судя по описаниям канадского гостя), и посмотреть, насколько это привязывается к гаплогруппам и субкладам Y-хромосомы.

Дело не в том, входят ли в сотни тысяч снипов в данном подходе конкретные снипы гаплогрупп. Эти конкретные несколько снипов все равно растворятся в сотнях тысяч других. Дело в том, что эти несколько снипов гаплогруппы формируют те самые сотни тысяч анализируемых снипов, или десятки тысяч в них. Все это в целом образует общую картину, в которой корни популяции давностью десятки тысяч лет тащат за собой всю картину, точнее, ее значительную часть, включая и женскую половину.

А женскую — потому, что мы женимся в основном не на негритянках и не на австралийских аборигенках, и не на

монголках, поэтому их мутаций в нашем геноме мало. Иначе говоря, это не статистическая каша, а весьма структурированный набор снипов в геноме. Фон, естественно, есть, и сильный, от тех же предков с шимпанзе, но его либо отфильтровывают при анализе, либо учитывают другим образом.

Именно потому должна быть корреляция с гаплогруппами Y-хромосомы, или, если ее нет, то это надо четко показать. Думаю, что она будет. Вопрос, в какой степени.

Классическая задача популяционной генетики — это нахождение связи (корреляции) между генотипом и фенотипом. Это опять не имеет отношение к ДНК-генеалогии. Поэтому я все время и повторяю, что попгенетики лезут не в свое дело, причем при полном отсутствии знаний и квалификации в этом не своем деле.

Опять же классический вопрос попгенетики — это выявление набора генов, являющихся причиной наследственных заболеваний. Опять к ДНК-генеалогии это не имеет отношения. Вопрос важный, и любимым объектом у попгенетиков являются, например, евреи с их букетом характерных наследственных болезней. А у киргизов, например, таких нет. Вот описание этого и есть поле попгенетики. Оттого и их любимые графики F, в которых все гаплогруппы смешиваются в кучу, и вообще не рассматриваются. Потому что они в генетике (попгенетике) не нужны.

Похоже, этот же подход сейчас используют при анализе генома. И слава Богу, пусть используют, в медицине это важно. Только это опять же не ДНК-генеалогия.

Но я о другом. Эти данные и коллективный анализ мутаций можно явно рассматривать и применять в ДНК-генеалогии. И это — очень интересное поле науки. Просто нужно по-другому смотреть на те же вещи.

Вот еще пример, в котором ясно проглядываются гаплогруппы. Это — из дискуссии на англоязычном форуме, в которой опять рассматривают мутации в геноме, но гаплогруппы не замечают, и описывают некий «атлантически-средиземноморский типаж» в геноме.

На самом деле этот «типаж», или «компонента» — в значительной степени гаплогруппа R1b. Этот геномный типаж доминирует у басков, сардинцев, французов и англичан, и довольно высок у немцев. Затем значительно падает у поляков,

и становится совсем малым у литовцев и финнов. Именно так проявляется гаплогруппа R1b. Ну, и где здесь независимый вклад мтДНК, и в чем это выражается?

Далее, то, что называют «северно-европейский» геномный типаж, это явно в основном гаплогруппа N (N1c1), возможно, в комбинации с I1. Этот типаж отсутствует в Сардинии, его совсем немного у французских басков, увеличивается при движении от Франции в Британию и Германию, достигает значительных величин у поляков, и доминирует в Литве и Финляндии.

Ясно, что мужские гаплогруппы в целом могут определять картину снип-мутаций в геноме, вопрос только, в какой степени и в каких ситуациях. Непредвзятые исследования это покажут.

А пока — вот что только что появилось в связи с новой системой тестирования Geno 2.0, Система исключительно маркертирована, и, хочется надеяться, что-то хорошее принесет для идентификации снипов. И вот пошли первые результаты. Оказывается, в проект уже влезли «геногеографы» и началось то, о чем я писал выше. Они подразделили ожидаемые данные по регионам, и стали приписывать, кто к какому региону принадлежит, в процентах.

Вот, например, «портрет русского» по их данным:

На 51% «северные европейцы».

На 18% юго-западные азиаты.

На 25% средиземноморцы.

На 4% северо-восточные азиаты.

Кто-либо что понял?

Ну так вот, «портрет финна»:

На 57% «северные европейцы».

На 17% юго-западные азиаты.

На 17% средиземноморцы.

На 7% северо-восточные азиаты.

Если не все еще поняли, то мы — это финны.

Откуда финны на 17% средиземноморцы — это тоже на трезвую голову не понять.

Немного проясняет вопрос то, что это все вычислялось по «референсной выборке» геномов из русских и финнов. Откуда эти «референсные выборки» геномов брались, например, у русских — тоже надо разбираться, как и с тем, сколько

в этой «референсной выборке» было геномов. Не исключено, что было совсем немного, причем с финно-угорской территории где-нибудь севернее Пскова, где N1c1 более 30%.

Вспоминается, что на Форуме еще давно негодовали, что попгенетики представили в международный консорциум в качестве «русских» представителей угро-финнов из какого-то карельского региона, и теперь это идет как «стандартная русская выборка». Если это действительно так, то пиши пропало. Никакие Geno 2.0 не помогут.

Попгенетика продолжает маршировать.

До поры, до времени.

# ИСПОЛЬЗОВАННАЯ И РЕКОМЕНДОВАННАЯ ЛИТЕРАТУРА

Примечание: линки на 50 выпусков журнала «Вестник Академии ДНК-генеалогии» размещены на сайте http://aklyosov.home.comcast.net.

## К ГЛАВЕ 1

*Адамов Д.С., Клёсов А.А.* (2008) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. // Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, т. 1, вып. 4 (октябрь), с. 631—645.

*Гамкрелидзе Т.В. и Иванов, В.В.* Индоевропейский язык и индоевропейцы. Тбилиси, 1984, т. I, II.

*Клёсов, А.А.* (2008) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Росийской Академии ДНК-генеалогии, т. 1, № 2, с. 252—348.

*Клёсов А.А.* Иосиф и его братья, или взрослые игры с молекулярной генеалогией. // Бостонский Альманах «Лебедь», № 515, 25 февраля 2007 г.

*Клёсов А.А.* Происхождение евреев с точки зрения ДНК-генеалогии. // Заметки по еврейской истории, №1 (92) — №7 (98), январь — июль 2008.

*Рожанский И., Клёсов А.* (2009) Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 2, №6, 974—1099.

*Сафронов В.А.* Индоевропейские прародины. Горький, 1989, 272 с.

*Чайлд Г.* Арийцы. Основатели европейской цивилизации. Москва, Центрполиграф, 2005.

Гаплотипы R1a — база данных YSearch; http://www.ysearch.org/haplosearch_start.asp?fail=2&uid=&haplo=R1a1&region=&submit=Search

Гаплотипы Буковины; http://www.familytreedna.com/public/HungarianBukovinaSurnames

Atkinson, Q.D. and Gray, R.D. (2006) How old is the Indo-European language family? Illumination or more moths to the flame? In: Phylogenetic Methods and the Prehistory of Languages. Cambridge: The McDonald Institute for Archaelogical Research, pp. 91—109.

Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic, B., Parik, J., Rootsi, S. and Rudan, P. (2003) Y chromosome STRs in Croatians. Forensic Sci. Internat. 138, 127—133.

Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Rootsi, S., Janicijevic, B., Kivisild, T., Parik, J., Rudan, I., Villems, R. and Rudan, P. (2003) Y chromosomal heritage of Croatian population and its island isolates. Europ. J. Human Genetics 11, 535—542.

Bouakaze, C., Keyser, C., Amory, S. and Crubezy, E. (2007) First successful assay of Y-SNP typing by SNaPshot minisequencing on ancient DNA. Int. J. Legal Med. 121, 493—499.

Bouckaert, R., Lemey, P., Dunn, M., Greenhill, S.J., Alekseyenko, A.V., Drummond, A.J., Gray, R.D., Suchard, M.A., Atkinson, Q.D. (2012) Mapping the origins and expansion of the Indo-European language family. Science, 337, 957—960,

Cadenas, A.M., Zhivotovsky, L.A., Cavalli-Sforza, L.L., Underhill, P.A. and Herrera, R.J. (2008) Y-chromosome diversity characterizes the Gulf of Oman. Eur. J. Human Genetics, 18, 374—386.

Chandler, J.F. (2006) Estimating per-locus mutation rates. J. Gen. Genealogy, 2, 27—33.

Cinnioglu, C., King, R., Kivisild, T., Kalfoglu, E., Atasoy, S., Cavalleri, G., Lillie, A.S., Roseman, C.C., Lin, A.A., Prince, K., Oefner, P.J., Shen, P., Semino, O., Cavalli-Sforza, L.L. and Underhill, P.A. (2004) Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. Hum. Genet. 114, 127—148.

Cordaux, R., Aunger, R., Bentley, G., Nasidze, I., Sirajuddin, S.M. and Stoneking, M. (2004) Independent origins of Indian caste and tribal paternal lineages. Current Biology, 14, 231—235.

Gkiasta, M., Russell, T., Shennan, S., and Steele, J. (2003) Neolithic transition in Europe: the radiocarbon record revisited. Antiquity 77, 45—62.

Gray, R.D. and Atkinson, Q.D. (2003) Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin. Nature, 426, 435—439.

Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Ganslmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C., Pike, A.W.G., Meller, H., Alt, K.W. (2008) Proc. Natl. Acad. Sci. US 105, 18226—18231.

Innes, J., Blackford, J., and Rowley-Conwy, P. (2003) The start of the Mesolithic-neolithic transition in north-west Europe — the polynological contribution. Antiquity 77, №297.

Johnson, A. Solving Stonehenge. The New Key to an Ancient Enigma. Thames & Hudson, 2008, pp. 288.

Keyser, C., Bouakaze, C., Crubezy, E., Nikolaev, V.G., Montagnon, D., Reis, T., Ludes, B. (2009) Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. Human Genetics, 126, 395—410,

Kivisild, T., Rootsi, S., Metspalu, M., Mastana, S., Kaldma, K., Parik, J., Metspalu, E., Adojaan, M., Tolk, H.-V., Stepanov, V., Golge, M., Usanga, E., Papiha, S.S., Cinnioglu, C., King, R., Cavalli-Sforza, L., Underhill, P.A. and Villems, R. (2003) The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. Am. J. Hum. Genet. 72, 313—332.

Klyosov, A.A. (2008) Origin of the Jews via DNA Genealogy. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1. 54—232.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy. 5, 186—216.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy. 5, 217—256.

Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood by M.F. Hammer, D.M. Behar, T.M. Karafet, F.L. Mendez, B. Hallmark, T. Erez, L.A. Zhivotovsky, S. Rosset, K. Skorecki, Hum. Genet., 126, №5, 719—724.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. Adv. Anthropol. 2, № 2, 1-13.

Martinez, L., Underhill, P.A., Zhivotovsky, L.A., Gayden, T., Moschonas, N.K., Chow, C.-E. T., Conti, S., Mamolini, E., Cavalli-Sforza, L.L. and Herrera, R.J. (2007) Paleolitic Y-haplogroup heritage predominates in a Cretan highland plateau. Eur. J. Human Genetics, 15, 485—493.

Nasidze, I, Ling, E.Y.S., Quinque, D., Dipanloup, I., Cordaux, R., Rychkov, S., Naumova, O., Zhukova, O., Sarraf-Zadegan, N., Naderi, G.A., Asgary, S., Sardas, S., Farhud, D.D., Sarkisian, T., Asadov, C., Kerimov, A. and Stoneking, M. (2004) Mitochondrial DNA and Y-Chromosome variation in the Caucasus. Ann. Human Genetics, 68, 205—221.

Pericic, M., Lauc, L.B., Klaric, A.M. et al. (2005) High-resolution phylogenetic analysis of southeastern Europe traces major episodes of paternal gene flow among Slavic populations. Mol. Biol. Evol. 22, 1964—1975.

Qamar, R., Ayub, Q., Mohyuddin, A., Helgason, A., Mazhar, K., Mansoor, A., Zerjal, T., Tyler-Smith, C., Mehdi, S.Q. (2002) Y-Cromosomal DNA variation in Pakistan. Am. J. Hum. Genet. 70, 1107—1124.

Regueiro, M., Cadenas, A.M., Gayden, T., Underhill, P.A. and Herrera, R.J. (2006) Iran: tricontinental nexus for Y-chromosome driven migration. Human Heredity, 61, 132—143.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy. Advances in Anthropology, 1, №2, 26—34.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Adv. Anthropol. 2, №3, 139—156.

Sahoo, S., Singh, A., Himabindu, G., Banerjee, J., Sitalaximi, T., Gaikwad, S., Trivedi, R., Endicott, P., Kivisild, T., Metspalu, M., Villems, R. and Kashyep, V.K. (2006) A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 103, 843—848.

Sengupta, S., Zhivotovsky, L.A., King, R., Mehdi, S.Q., Edmonds, C.A., Chow, C.-E. T., Lin, A.A., Mitra, M., Sil, S.K., Ramesh, A., Rani, M.V.U., Thakur, C.M., Cavalli-Sforza, L.L., Majumder, P.P., Underhill, P.A. (2006) Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian Pastoralis. Amer. J. Human Genet. 78, 202—221.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochtonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics 54, 47—55.

Weale, M.E., Yepiskoposyan, L., Jager, R.F., Hovhannisyan, N., Khudoyan, A., Burbage-Hall, O., Bradman, N. and Thomas, M. (2001) Armenian Y chromosome haplotypes reveal strong regional structure within a single ethno-national group. Hum. Genet. 109, 659—674.

Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A. Evseeva, I., Blue-Smith, L., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalaksmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T.,

Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zallous, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A., Bodmer, W.F. (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. Proc. Natl. Acad. Sci. US 98, 10244—10249.

Wiik, K. (2008) Where did European men come from? J. Genetic Genealogy, 4, 35—85.

## К ГЛАВЕ 2

*Клёсов А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». // Биохимия, 76, №5, 636—653.

Махабхарата. Заключительные книги XV—XVIII. Российская АН, Серия «Литературные памятники». СПб.: Наука, 2005.

Bednarik, R.G. (2012) The origin of human modernity. Humanities, 1, 1—53.

Heyer, E., Puymirat, J., Dieltjes, P., Bakker, E., de Knijff, P. (1997). Estimating Y chromosome specific microsatellite mutation frequencies using deep rooting pedigrees. Human Mol. Genetics 6, 799—803

Jobling, M.A., Tyler-Smith C. (1995) Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. TIG 11, 449—456.

Karafet, T.M., Zegura, S.L., Posukh, O., Osipova, L., Bergen, A., Long, J., Goldman, D., Klitz, W., Harihara, S., de Knijff, P., et al. (1999). Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes. Am. J. Hum. Genet. *64*, 817—831.

Kayser, M., Roewer, L., Hedman, M., Henke, L., Hemke, J., Brauer, S., Kruger, C., Krawczak, M., Nagy, M., Dobosz, T., et al (2000). Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y chromosome, as revealed by direct observation in father/son pairs. Am. J. Hum. Genet. *66*, 1580—1588.

Klyosov, A.A. (2009) DNA genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in the Y chromosome. Part II. Walking the map. J. Genetic. Genealogy, 5, №2, 217—256.

Klyosov, A.A. (2010) A comment on the Paper: A Western Eurasian Male Is Found in 2000-Year-Old Elite Xiongnu Cemetery in Northeast Mongolia, by K. Kim, C.H. Brenner, V. H. Mair et al. Amer. J. Phys. Anthrop., DOI 10,1002/ajpa.21242, 2010, Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 3, №4, 623—634

Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, №2, 87—105.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto-Indo-Aryans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. Advances in Anthropology, 2, № 1, 1—13.

Klyosov, A.A. Critical comments to the paper by Sharma et al in Human Genetics (January 2009) on «the Indian origin of haplogroup R1a1». Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 2, 443—451, 2009.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the "Out of Africa" theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, №2, 80—86.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryabchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of-Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y chromosome of Chimpanzee and humans. Advances in Anthropology, 2, №4, 198—213.

Klyosov, A.A. (2009) On an incorrect assignment of the Siberian R1a1 haplotypes to the Kurgan archaeological culture (discussion of the paper by Keyser et al in Human Genetics, 2009). Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 2, 871-878.

Nei, M. (1995). Genetic support for the out-of Africa theory of human evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 92, 6720—6722.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Advances in Anthropology, 2, №3, 139—156.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy. Advances in Anthropology, 1, №2, 26—34.

## К ГЛАВЕ 3

*Клёсов А.А.* (2008) Гаплотипы группы R1a на пост-советском пространстве. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 1, 947—957.

*Клёсов А.А.* (2008) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, 252—348.

*Клёсов А.А.* (2008) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций.

// Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, 812—835.

Клёсов А.А. (2009) Понятия и определения ДНК-генеалогии. Вестник // Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 1264 — 1330,

*Клёсов А.А.* (2009) Еще одно доказательство перехода ариев (гаплогруппа R1a) в Индию и Иран с Русской равнины. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, 1217—1229.

*Клёсов А.А.* (2010) Гаплогруппа R1b. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, 249—299.

Клёсов А.А. (2010) Гаплогруппа I. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, 96—158.

*Клёсов А.А.* (2010) Мутации в гаплотипах Y-хромосомы в парах отец-сын и их значение для ДНК-генеалогии. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, 1853—1860,

*Клёсов А.А., Тюняев, А.А.* (2010) Происхождение человека. М.: Белые Альвы, 2010, 1021 с.

*Клёсов А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». // Биохимия, 76, №5, 634—651.

Cordaux, R., Bentley, G., Aunger, R., Sirajuddin, S.M., Stoneking, M. (2004) Y-STR haplotypes from eight South Indian groups based on five loci. J. Forensic Sci. *49*, 1-2.

Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L. and Feldman, M.W. (1995). Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. Proc. Natl. Acad. Sci. US, *92*, 6723—6727.

Hammer, M.F., Redd, A.J., Wood, E.T., Bonner, M.R., Jarjabazi, H., Karafet, T., Santachiara-Benerecetti, S., Oppenheim, A., Jobling, M.A., Jenkins, T., et al. (2000). Jewish and Middle Eastern non-Jewish populations share a common pool of Y-chromosome biallelic haplotypes. Proc. Natl. Acad. Sci. US. 97, 6769—6774.

Klyosov, AA. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J Genetic Genealogy 5, 186—216.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J Genetic Genealogy 5, 217—256.

Klyosov A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics. 126, 719—724.

Klyosov, A.A. (2011) The mutation rate constant for the 111 marker haplotype panel. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, v. 4, №7, 1535-1539.

Nebel, A., Filon, D., Weiss, D.A., Weale, M., Faerman, M., Oppenheim, A., and Thomas, M. (2000). High-resolution Y chromosome haplotypes of Israeli and Palestinian Arabs reveal geographic substructure and substantial overlap with haplotypes of Jews. Hum. Genet. *107*, 630—641.

Nebel, A., Filon, D., Brinkmann, B., Majumder, P.P., Faerman, M., and Oppenheim, A. (2001). The Y chromosome pool of Jews as part of the genetic landscape of the Middle East. Am. J. Hum. Genet. *69*, 1095—1112.

Roewer L., Willuweit S., Kruger C., Nagy M., Rychkov S., Morozowa I., Naumova O., Schneider Y., Zhukova O., Stoneking M., Nasidze I. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations. Int. Legal Medicine. 122, 219—223.

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., De Benedictis, G., Francalacci, P., Kouvatsi, A., Limborska, S., et al. (2000). The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective. Science *290*, 1155—1159.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47—55.

Sun J.X., Millikin J.C., Patterson N., Reich D.E. (2009) Microsatellites are molecular clocks that supports accurate inferences about history. Mol. Biol. Evol. 26, 1017—1027.

Takezaki, N. and Nei, M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenic trees from microsatellite DNA. Genetics *144*, 389—399.

Underhill, P.A., Shen, P., Lin, A.A., Jin, L., Passarino, G., Yang, W.H., Kauffman, E., Bonne-Tamir, B., Bertranpetit, J., Francalacci, P., et al. (2000). Y chromosome sequence variation and the history of human populations. Nature genetics *26*, 358—361.

Walsh, B. (2001) Estimating the time to the most common ancestor for the Y chromosome or mitochondrial DNA for a pair of individuals. Genetics *158*, 897—912.

Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A. Evseeva, I., Blue-Smith, L., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalaksmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T., Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zallous, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A., Bodmer, W.F. (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. Proc. Natl. Acad. Sci. US 98, 10244—10249.

YSearch, http://www.ysearch.org

Zhivotovsky, L.A., Feldman, M.W (1995) Microsatellite variability and genetic distances. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 92, 11549—11552.

## К ГЛАВЕ 4

*Клёсов А.А.* (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 2008, № 4, 568—629.

*Клёсов А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». // Биохимия (Москва), т. 76, № 5, 636—653.

*Лабай А.А.* (2013) Как «вырастить» свое дерево. // Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 6, № 2, 408—424.

*Лукашевич П.* Объясненiе ассирiйскихъ именъ. Университетская типография, Киев, 1868.

Charles Morris, The Aryan Race: Its Origin and Its Achievements. The Renaissance Publishing House, 1888.

Felsenstein J. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, 2004.

Klyosov, AA. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J Genetic Genealogy 5, 186—216.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J Genetic Genealogy 5, 217—256.

Lacan M., Keyser C., Ricaut F.-X., Brucato, N., et al. (2011) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A, vol. 108, 18255—18259.

Lappalainen T., Laitinen V., Salmela E., Andersen P., Huoponen K., Savontaus M.L., Lahermo P. Migration Waves to the Baltic Sea Region (2008) Ann. Hum. Genetics. vol. 72, 337—348.

Mrsic G., Grskovic B., Vrdoljak A. et al. (2012) Croatian national reference Y-STR haplotype database. Mol. Biol. Rep. vol. 39, 7727—7741.

Pike, A. Lectures of the Arya. ISBN 1-56459-182-4.

Roewer L., Willuweit S., Krüger C., et al. Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations (2008) Int. J. Legal Med., 122, 219—223.

Rozhanskii, I.L. (2010) Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a tree.Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, ISSN 1942-7484, vol. 2, No 8, 1316—1324.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy. Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26—34.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Adv. Anthropol. Vol. 2, No. 3, 139—156.

Rozhanskii I., Klyosov A., Zolotarev A. (2012) IRAKAZ R1a database. Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. ISSN 1942-7483. vol. 5. № 5, 553—559.

## К ГЛАВЕ 5

*Тилак Б.Г.* Арктическая родина в Ведах (пер. с англ. Н.Р. Гусевой). М.: ФАИР-ПРЕСС, 2001, ISBN 5-8183-0263-6.

*Уоррен У.Ф.* Найденный рай на Северном полюсе (пер. с англ. Н.Р. Гусевой). М.: ГРАНД-ФАИР, 2003.

## К ГЛАВЕ 6

*Дыбовский А.П.* (2011) Мореходная реконструкция неизвестного похода флота Александра Македонского в 323—321 гг до н.э. // Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 4, №3, 467—501.

*Клёсов А.А.* (2011) К методологии поиска следов пропавшей экспедиции Александра Македонского. Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 4, №3, 502—537.

*Миронова Е.А.* (2013) Одинаковые формы керамики, совпадающие орнаменты и идентичные знаки на артефактах культур не-

олита, энеолита, и эпохи бронзы Европы, Азии и Северной Америки. // Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 6, №2, 267—373.

Bolnick, D.A., Bolnick, D.I., Smith, D.G. (2006) Asymmetric male and female genetic histories among Native Americans from Eastern North America. Mol. Biol. Evol. 23, 2161—2174.

Bortolini, M.-C., Salzano, F.M., Thomas, M.G., Stuart, S., Nasanen, S.P.K., Bau, C.H.D., Hutz, M.H., Layrisse, Z., Petzl-Erler, M.L., Tsuneto, L.T., Hill, K., Hurtado, A.M., Castro-de-Guerra, D., Torres, M.M., Groot, H., Michalski, R., Nymadawa, P., Bedoya, G., Bradman, N., Labuda, D., Ruiz-Linares, A. (2003) Y-chromosome evidence for differeing ancient demographic histories in the Americas. Am. Hum. Genet, 73, 524—539.

Estes, R. (2009) Where have all the Indians gone? Native American Eastern seaboard dispersal, genealogy and DNA in relation to Sir Walter Raleigh's lost colony of Roanoke. J. Genet. Geneal. 5, 96—130,

Kemp, B.M., González-Oliver, A., Malhi, R.S. Monroe, C., Schroeder, K.B., McDonough, J., Rhett, G., Resendéz, A., Peñaloza-Espinosa, R.I., Buentello-Malo, L., Gorodesky, C., Smith, D.G. (2009) Evaluating the farming/language dispersal hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 107, 6759—6764

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy. 5, 217—256.

Malhi, R.S., Gonzalez-Oliver, A., Schroeder, K.B., Kemp, B.M., Greenberg, J.A., Dobrowski, S.Z., Smith D.G., Resendez, A., Karafet, T., Hammer, M., Zegura, S., Brovko, T. (2008) Distribution of Y chromosomes among native North Americans: A study of Athapaskan population history. Am. J. Phys. Anthropol. 137, 4412—4424.

Zegura, S.L., Karafet, T.M., Zhivotovsky, L.A., Hammer, M.F. (2004) High-resolution SNPs and microsatellite haplotypes point to a single, recent entry of Native American Y chromosomes into the Americas. Mol. Biol. Evol. 21, 164—175.

Zhong, H., Shi, H., Qi, X.-B., Duan, Z.-Y., Tan, P.-P., Jin, L., Su, B., Ma, R.Z. (2010) Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication, 13 September 2010, 29 pp.

## К ГЛАВЕ 7

*Вернадский Г.В.* История России. т. 1. Древняя Русь. М., 1999 (ориг. изд. 1943)

*Вернадский Г.В.* История России. т. 2. Киевская Русь. М., 1999 (ориг. изд. 1948)

*Никольская Т.Н.* Земля вятичей. М., 1981.

*Седов В.В.* Славяне Верхнего Поднепровья и Подвинья. М., 1970.

*Седов В.В.* Славяне в раннем средневековье. М., 1995.

*Петрухин В., Раевский Д.* Очерки истории народов России в древности и раннем средневековье. М., 1998 (2-е изд. 2004).

*Рожанский И., Клёсов А.* (2009) Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484) т.2, №6, 974—1099.

Balanovsky, O., Rootsi, S., Pshenichnov, A., Kivisild, T. et al (2008) Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context. Amer. J. Human Genetics, 82, 236—250,

Bouckaert, R., Lemey, P., Dunn, M., Greenhill, S.J., Alekseyenko, A.V., Drummond, A.J., Gray, R.D., Suchard, M.A., Atkinson, Q.D. (2012) Mapping the origins and expansion of the Indo-European language family. Science, 337, 957—960,

Gray, R.D. and Atkinson, Q.D. (2003) Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin. Nature, 426, 435—439.

Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Ganslmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C., Pike, A.W.G., Meller, H., Alt, K.W. (2008) Proc. Natl. Acad. Sci. US 105, 18226—18231.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy. 5, 186—216.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy. 5, 217—256.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. Adv. Anthropol. 2, No. 2, 1—13.

Roewer, L., Willuweit, S., Kruger, C., Marion, N. et al (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances

between populations. International Journal of Legal Medicine, 122, No.3, 219—223.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Adv. Anthropol. 2, No. 3, 139—156.

Rozhanskii, I., Klyosov, A., Zolotarev, A. (2012) IRAKAZ R1a database. Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. ISSN 1942-7483. vol. 5. No. 5, 553—559.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochtonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics 54, 47—55.

Wiik, K. (2008) Where did European men come from? J. Genetic Genealogy, 4, 35-85.

## К ГЛАВЕ 8

*Клёсов А.А.* (2012) ДНК-генеалогия русских князей гаплогрупп N1c1 и R1a. // Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 5, № 9, 1037—1044.

*Клёсов А.А.* (2011) ДНК-генеалогия современного «Великого князя Всея Руси». Опыт расследования. //Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, №2, 403—418.

*Клёсов А.А.* (2011) Еще раз о ДНК-генеалогии русских князей гаплогруппы N1c1 и им «сопутствующих». // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, №9, 1709—1715.

*Клёсов А.А.* (2011) «Угро-финская» и «южно-балтийская» ветви гаплогруппы N1c1 и их гаплотипы. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 4, №8, 1604—1626.

*Клёсов А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия (Москва), т. 76, № 5, 636—653.

*Рожанский И.Л.* (2011) О литовских и польско-словацких гаплотипах. // Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №12, 2323—2325.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy. 5, 186—216.

Klyosov, A.A. (2008) A discussion of a Northern route of Y chromosomes of haplogroup N from South East Asia to Europe. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 2, №1, 568—629.

Lappalainen T., Laitinen V., Salmela E., Andersen P., Huoponen K., Savontaus M.L., Lahermo P. (2008) Migration Waves to the Baltic Sea Region. Ann. Hum. Genetics. vol. 72, 337—348.

Roewer, L., Willuweit, S., Krüger, C., Nagy, M., Rychkov, S., Morozowa, I., Naumova, O., Schneider, Y., Zhukova, O. Stoneking, M., Nasidze, I. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations. Int. J. Legal Medicine, 122, 219—23.

## К ГЛАВЕ 9

*Клёсов А.А.* (2012) Динарская (восточно-европейская) и «островные» ветви гаплогруппы I2a. Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 5, № 11, 1304—1317.

Klyosov, A.A. (2010) Haplogroup I. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 3, No.1, 96—158.

Klyosov, A.A. (2011) MacDonalds and Scottish Haplotypes of Haplogroup I. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4, No. 6, 1230—1238.

## К ГЛАВЕ 10

*Клёсов А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия (Москва), т. 76, №5, 636—653.

Рожанский, И.Л. (2011) О литовских и польско-словацких гаплотипах. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №12, 2323—2325.

Felsenstein, J. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, 2004.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy. 5, 186—216.

Lacan M., Keyser C., Ricaut F.-X., Brucato, N., et al. (2011) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A, vol. 108, 18255—18259.

Lappalainen T., Laitinen V., Salmela E., Andersen P., Huoponen K., Savontaus M.L., Lahermo P. (2008) Migration Waves to the Baltic Sea Region. Ann. Hum. Genetics. vol. 72, 337—348.

Mrsic G., Grskovic B., Vrdoljak A., et al. (2012) Croatian national reference Y-STR haplotype database. Mol. Biol. Rep. vol. 39, 7727—7741.

Rozhanskii I.L, Klyosov A.A. (2011) Mutation Rate Constants in DNA Genealogy (Y Chromosome). Advances in Anthropology. vol. 1. No 2, 26—34.

Roewer L., Willuweit S., Krüger C., et al. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations. Int. J. Legal Med., vol.122, 219—223.

Rozhanskii, I.L. (2010) Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a tree. Evaluation of the convergence of sets in STR phylogeny and analysis of the haplogroup R1a1 tree.Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, ISSN 1942-7484, vol. 2, N.8, 1316—1324.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Adv. Anthropol. Vol. 2, No. 3, 2012. P. 139—156.

Rozhanskii, I., Klyosov, A., Zolotarev, A. (2012) IRAKAZ R1a database. Proceedings of the Academy of DNA Genealogy. ISSN 1942-7483. vol. 5. № 5, 553—559.

## К ГЛАВАМ 11—16

*Клёсов А.А.* (2009) Еще раз о «популяционной скорости мутаций» А. Животовского, или как рождаются басни. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, № 7, 1162—1182.

*Клёсов А.А.* (2009) О «множественных и уникальных генеалогических линиях коэнов» (альтернативный анализ данных, приведенных в публикации Hammer, Behar, Karafet, Mendez, Hallmark, Erez, Zhivotovsky, Rosset, Skorecki, в Hum. Genet., август 2009). // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, № 6, 1100—1116.

*Клёсов А.А.* (2010) Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка ее решения с помощию ДНК-генеалогии: соображения нелингвиста. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, №1, 2—57.

*Клёсов А.А.* (2010) Экзерсизы от Петра Золина в ДНК-генеалогии, или с каким другом и недругов этой науке не нужно. Раздел «Почему мы значительно меньше внимания уделяем мтДНК в расчетах времен до общих предков, и при рассмотрении миграций в целом». Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, №12, 2245—2267.

*Клёсов А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, 634—651.

*Клёсов А.А.* (2011) История гаплогрупп R1a и R1b в Иране и Ливане. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №1, 20—32.

*Клёсов А.А.* (2011) Исследования мтДНК. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №11, 2088—2092.

*Клёсов А.А.* (2011) Происхождение древних субкладов гаплогруппы R1b — территории и времена. // Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №12, 2227—2245.

*Клёсов А.А.* (2011) Гаплогруппы и гаплотипы Армении (гаплогруппы J2, R1b-L23, R1b-M269 и T-M184). // Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №10, 1985-1993.

*Клёсов А.А.* (2012) Гаплогруппы и гаплотипы Кавказа. Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 5, № 9, 1005—1036.

*Клёсов А.А.* (2013) Гаплогруппы и гаплотипы Кавказа. Часть 2. Восточный и северо-восточный Кавказ. Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 6, № 1, 18—34.

*Клёсов А.А.* (2013) «Автохтонные» и «индоевропейские» гаплотипы группы R1a на юге Индии: очередная проблема с популярными генетиками. Комментарии к статье R. Spencer Wells, Colin Renfrew, Chris Tyler Smith et al «Population differentiation of Southern Indian male lineages...» (PLOS one, November 2012). Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 6, № 1, 2—17.

*Клёсов А.А.* (2012) Гаплотипы группы R1a на Алтае: «автохтоны» и «индоевропейцы». // Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 5, № 12, 1511—1525.

*Клёсов А.А.* (2012) О статье венгерских авторов «Краткое сообщение: Новые бинарные маркеры Y-хромосомы улучшают филогенетическое разрешение внутри гаплогруппы R1a» (Pamjav et al, Am. J. Phys. Anthropol., 2012) // Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 5, № 12, 1552—1564.

*Лабай А.А.* (2011) Армянские гаплотипы гаплогруппы Т-М184 из Закавказья. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 4, №11, 2073—2079.

*Рожанский, И., Клёсов А.* (2009) Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 2, №6, 974—1099.

*Рожанский И.Л.* (2012) Япония и Корея. Ранняя история, этногенез и новый взгляд на образование алтайской языковой макросемьи с позиций ДНК-генеалогии. // Вестник Академии ДНК-генеалогии. Том 5, № 12, 1526—1551.

*Тетушкин Е.Я.* (2011) Генетическая генеалогия: история и методология. // Генетика, 47, 597—609.

Arredi, B., Poloni, E.S., Paracchini, S., Zerjal, T., Fathallah, D.M., Makrelouf, M., Pascali, V.L., Noveletto, A., Tyler-Smith, C. (2004) A predominantly Neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa. Am. J. Hum. Genet., 75, 338—345.

ArunKumar, G.P., Soria-Hernanz, D.F., Kavitha, V.J., Arun, V.S., Syama, A., Ashokan, K.S., Gandhirajan, K.T., Vijayakumar, K., Narayanan, M., Jayalakshmi, M., Ziegle, J.S., Royyuru, A.K., Parida, L., Wells, R.S., Renfrew, C., Schurr, T.G., Smith, C.T., Platt, D.E., Pitchappan, R., The Genographic Consortium (2012) Population differentiation of Southern Indian male lineages correlates with agricultural expansions predating the caste system. PLOS One, 7, No. 11, e50269. doi:10,1371/journal.pone.0050269

Athey, W. (2009) Introduction to a special section on alternative methods of analysis for Y-STR clusters and the determination of the time to the most recent common ancestor. J. Genet. Geneal. 5, 131—136.

Balanovsky, O. P. (2009) Human genetics and Neolitic dispersal. The East European Plain on the Eve of Agriculture. (ed. P.M. Dolukhanov, G.R. Sarson and A.M. Shukurov). British Archaeological Reports International Series 1964, Oxford: Aechaeopress, p. 235—246.

Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates,characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341—353.

Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L., Held, K., Moses, V., Goldstein, D., Bradman, N., Weale, M.E. (2003) Multiple origins of Ashkenazi

Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. Am. Hum. Genet. 73, 768—779.

Behar, D.M., Garrigan, D., Kaplan, M.E., Mobasher, Z., Rosengarten, D., Karafet, T.M., Quintana-Murci, L., Oster, H., Skorecki, K., Hammer, M.F. (2004) Contrasting patterns of Y chromosome variation in Ashkenazi Jewish and host non-Jewish European populations. Hum. Genet. 114, 354—365.

Behar, D.M., Yunusbayev, B., Metspalu, M., Metspalu, E., Rosset, S., Parik, J., Rootsi, S., Chaubey, G., Kutuev, I., Yudkovsky, G., Khusnutdinova, E.K., Balanovsky, O., Semino, O., Pereira, L., Comas, D., Gurwitz, D., Bonne-Tamir, B., Parfitt, T., Hammer, M.F., Skorecki, K., Villems, R. (2010) The genome-wide structure of the Jewish people. Nature, doi:10,1038/nature09103, published online June 9, 2010,

Chandler, J.F. (2006). Estimating per-locus mutation rates. J. Genetic Genealogy 2, 27—33.

Elhaik, E. (2012) The missing link of Jewish European ancestry: contrasting the Rhineland and the Khazarian hypotheses. Genome Biology and Evolution, December 14, 2012, doi:10,1093/gbe/evs119

Green, R.E., Malaspinas, A.-S., Krause, J., W. Briggs, A.W., Johnson, P.L.F., Uhler, C., Meyer, M., Good, J.M., Maricic, T., Stenzel, U., Prufer, K., Siebauer, M., Burbano, H.A., Ronan, M., Rothberg, J.M., Egholm, M., Rudan, P., Brajkovic´, D., Kucan, Z., Gusic , I., Wikstrom, M., Laakkonen, L., Kelso, J., Slatkin, M., Paabo, S. (2008) A Complete Neandertal Mitochondrial Genome Sequence Determined by High-Throughput Sequencing. Cell, 134, 416—426.

Haber, M., Platt, D.E., Badro, D.A., Xue, Y., El-Sibai, M., Bonab, M.A., Youhanna, S.C., Saade, S., Soria-Hernanz, D.F., Royyuru, A., Wells, R.S., Tyler-Smith, C., Zalloua, P.A. (2010) Influences of history, geography, and religion on genetic structure: the Maronites in Lebanon. Eur. J. Hum. Genet., December 2010, doi: 10,1038/ejhg.2010,177

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009a) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. Hum. Genet. , 126, No. 5, 707—717.

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009) Response. Hum. Genet. , 126, No. 5, 725—726.

Kasperavičiūtė, D., Kučinskas, V., Stoneking, M. (2004) Y Chromosome and mitochondrial DNA variation in Lithuanians. Ann. Hum. Genetics, 68, 438—452.

Klyosov, A.A. (2008). Origin of the Jews via DNA genealogy. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), 1, 54—232.

Klyosov, A.A. (2008) Basic rules of DNA Genealogy (Y chromosome). Mutation rates and their calibration. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 1, 3—53.

Klyosov, A.A. (2010) The Neanderthals. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 3, No. 6, 942—968.

Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: "Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood by M.F. Hammer, D.M. Behar, T.M. Karafet, F.L. Mendez, B. Hallmark, T. Erez, L.A. Zhivotovsky, S. Rosset, K. Skorecki, Hum. Genet. , 126, No. 5, 719—724.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidence written in the Y-chromosome: I. Basic principles and the method. J. Genet. Geneal., 5, 186—216.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy. 5, 217—256.

Klyosov, A.A. (2011) Haplogroup R1a on Comoros Islands and ancient migrations of R1a1 and R1b haplogroups. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 4, No.1, 33—39.

Klyosov, A.A. (2009) Szeklers of Eastern Europe and their haplogroups and haplotypes. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 2, № 1, 2—51.

Klyosov, A.A. (2008) Origin of the Jews via DNA genealogy. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1, 54—232.

Klyosov, A.A. (2010) Origin of the Jews and the Arabs: Date of their Most Recent Common Ancestor is Written in Their Y Chromosomes — However, There Were Two of Them. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 3, No. 4, 635—653.

Klyosov, A.A. (2010) Irish haplotypes and haplogroups. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 3, No. 6, 1029—1053.

Klyosov, A.A. (2011) Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: origin and «ages» of most recent common ancestors. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4, No. 6, 1127—1195.

Klyosov, A.A. (2011) MacDonalds and Scottish R1b1a2 Haplotypes. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4, No. 6, 1196—1229.

Klyosov, A.A. (2012) Where the Kelts came from? An introduction to the unsolved yet problem. Proceedings of the Academy of DNA Genealogy, vol. 5, No. 4, 308—339.

Klyosov, A.A. (2010) The genome-wide analysis of Jewish populations and its comparison with data of DNA genealogy. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 3, No. 7, 1144—1164.

Klyosov, A.A. (2011) The slowest 22 marker haplotype panel (out of the 67 marker panel) and their mutation rate constants employed for calculations timespans to the most ancient common ancestors. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4, No. 6, 1239—1256.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. Advances in Anthropology, 2, No. 1, 1—13.

Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87—105.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the "Out of Africa" theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80—86.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the «Out-of-Africa» theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y chromosome of chimpanzee and humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198—213.

Klyosov, A.A. (2011) Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: orgin and "ages" of most recent common ancestors. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 4, No. 6, 1127—1195.

Krings, M., Stone, A., Schmitz, R.W., Krainitzki, H., Stoneking, M., and Paabo, S. (1997) Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans. Cell 90, 19—30,

MacEacharn, A., Klyosov, A.A. (2010) Scotland's R1a1 Highland Clansmen, DNA Genealogy and the search for Somerled. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 3, No. 8, 1325—1358.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G., Maksimov, A., Wozniak, M., Grzybowski, T., Dambueva, I., Zakharov, I. (2011) Ancient links between Siberians and native Americans revealed by subtyping the Y chromosome haplogroup Q1a. J. Hum. Genet., doi:10,1038/jhg.2011.64

Morozova, I., Evsyukov, A., Kon'kov, A., Grosheva, A., Zhukova, O., Rychkov, S. (2011) Russian ethnic history inferred from mitichondrial DNA diversity. Am. J. Phys. Anthropol., DOI 10,1002/ajpa.21649, prepublication online.

Pamjav, H., Feher, T., Nemeth, E., Padar, Z. (2012) Brief communication: New Y-chromosome binary markers improve phylogenetic resolution within haplogroup R1a1. Am. J. Phys. Anthropol., DOI 10,1002/ajpa.22167

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome) Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26—34.

Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Adv. Anthropol. Vol. 2, No. 3, 139—156.

Skorecki, K., Selig, S., Blazer, S., Bradman, R., Bradman, N., Warburton, P.J., Ismajlowicz, M., Hammer, M.F. (1997) Y cromosomes of Jewish Priests. Nature 285, 32.

Thomas, M.G., Skorecki, K., Ben-Ami, H., Parfitt T., Bradman N., Goldstein D.B. (1998) Origins of Old Testament priests. Nature, 394, 138—140,

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human. Genet., advance online publication, 4 November 2009, doi: 10,1038/ejhg.2009.194

Zhivotovsky, L.A., Underhill, P.A., Cinnoglu, C., Kayser, M., Morar, B., Kivisild, T., Scozzari, R., Cruciani, F., Destro-Bisol, G., Spedini, G., et al. (2004). The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. Am. J. Human Genet. *74*, 50—61.

# *СОДЕРЖАНИЕ*

Научно-популярное издание

НАША РУСЬ

**Клесов Анатолий Алексеевич**

**ПРОИСХОЖДЕНИЕ СЛАВЯН**

**ДНК-генеалогия против «норманнской теории»**

Редактор *В. Манягин*
Верстка *А. Кувшинников*
Корректор *Н. Самойлова*

ООО «Издательство «Алгоритм»
Оптовая торговля:
ТД «Алгоритм» 617-0825, 617-0952
Сайт: http://www.algoritm-izdat.ru
Электронная почта: algoritm-izdat@mail.ru
Интернет-магазин: http://www.politkniga.ru

Сведения о подтверждении соответствия издания
согласно законодательству РФ о техническом регулировании
можно получить по адресу: http://eksmo.ru/certification/

Подписано в печать 13.06.2013. Формат 84x108 1/32.
Печать офсетная. Усл. печ. л. 26,88.
Доп. тираж 2 000 экз. Заказ 846.
Отпечатано с электронных носителей издательства.
ОАО "Тверской полиграфический комбинат". 170024, г. Тверь, пр-т Ленина, 5.
Телефон: (4822) 44-52-03, 44-50-34, Телефон/факс: (4822)44-42-15
Home page - www.tverpk.ru Электронная почта (E-mail) - sales@tverpk.ru

ISBN 978-5-4438-0324-1






Книга профессора Гарвардского университета А.А. Клесова претендует на то, чтобы стать настоящим научным бестселлером.

Кто такие славяне и каково их происхождение? Откуда они пришли? На протяжении трех веков ученые не могли дать обоснованный ответ на эти вопросы. Автор, будучи высокопрофессиональным специалистом и талантливым исследователем, нашел его на стыке двух наук: истории и генетики.

Сам ученый утверждает, что его книга будет иметь «эффект разорвавшейся бомбы», и это действительно так: читателя ждут немалые потрясения. А.А. Клесов разрушает сложившееся в научной среде «табу» на объективное изучение истории древних славян и их происхождения от ариев - коренных жителей Русской равнины.

